

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
15. Mai 2003 (15.05.2003)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 03/040180 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: **C07K 14/34**,
C12P 13/08, C12Q 1/68, C12N 15/63, 15/77, 1/21, C12P
1/04

(74) Gemeinsamer Vertreter: **BASF AKTIENGE-
SELLSCHAFT**; 67056 Ludwigshafen (DE).

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP02/12138

(22) Internationales Anmeldedatum:
31. Oktober 2002 (31.10.2002)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
101 54 180.5 5. November 2001 (05.11.2001) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme
von US): **BASF AKTIENGESELLSCHAFT** [DE/DE];
67056 Ludwigshafen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): **ZELDER, Oskar**
[DE/DE]; Franz-Stützel-Str. 8, 67346 Speyer (DE).
POMPEJUS, Markus [DE/DE]; Wenjenstr. 21, 67251
Freinsheim (DE). **SCHRÖDER, Hartwig** [DE/DE]; Ben-
zstr. 4, 69226 Nussloch (DE). **KRÖGER, BURKHARD**
[DE/DE]; Im Waldhof 1, 67117 Limburgerhof (DE).
KLOPPROGGE, Corinna [DE/DE]; Diemersteinstrasse
3, 67065 Ludwigshafen (DE). **HABERHAUER, Gregor**
[DE/DE]; Moselstrasse 42, 67117 Limburgerhof (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AE, AG, AL, AM, AT,
AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR,
CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE,
GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR,
KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK,
MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU,
SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG,
US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): ARIPO-Patent (GH,
GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW),
eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,
TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,
DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT,
SE, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen
Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on
Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe
der PCT-Gazette verwiesen.

WO 03/040180 A2

(54) Title: GENES ENCODING FOR GENETIC STABILITY, GENE EXPRESSION AND FOLDING PROTEINS

(54) Bezeichnung: GENE DIE FÜR GENETISCHE STABILITÄTS-, GENEXPRESSIONS- UND FALTUNGSPROTEINE CO-
DIEREN

(57) Abstract: The invention relates to novel nucleic acid molecules, to the use thereof in the construction of genetically improved
microorganisms and to a method for producing fine chemical products, in particular amino acids, by means of said genetically im-
proved microorganisms.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft neue Nukleinsäuremoleküle, deren Verwendung zur Konstruktion von gentechnisch
verbesserten Mikroorganismen und Verfahren zur Herstellung von Feinchemikalien, insbesondere Aminosäuren mit Hilfe dieser
gentechnisch verbesserten Mikroorganismen.

Gene die für genetische Stabilitäts-, Genexpressions- und Faltungsproteine codieren

5 Hintergrund der Erfindung

Bestimmte Produkte und Nebenprodukte von natürlich vorkommenden Stoffwechselprozessen in Zellen werden in vielen Industriezweigen verwendet, einschließlich der Nahrungsmittel-, Futtermittel-,
10 Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie. Diese Moleküle, die gemeinsam als "Feinchemikalien" bezeichnet werden, umfassen organische Säuren, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Nukleotide und Nukleoside, Lipide und Fettsäuren, Dirole, Kohlehydrate, aromatische Verbindungen, Vitamine und Co-
15 faktoren sowie Enzyme. Ihre Produktion erfolgt am besten mittels Anzucht von Bakterien im Großmaßstab, die entwickelt wurden, um große Mengen des jeweils gewünschten Moleküls zu produzieren und sezernieren. Ein für diesen Zweck besonders geeigneter Organismus ist *Corynebacterium glutamicum*, ein gram-positives, nicht-patho-
20 genes Bakterium. Über Stamms Selektion ist eine Reihe von Mutantstämmen entwickelt worden, die ein Sortiment wünschenswerter Verbindungen produzieren. Die Auswahl von Stämmen, die hinsichtlich der Produktion eines bestimmten Moleküls verbessert sind, ist jedoch ein zeitaufwendiges und schwieriges Verfahren.

25

Zusammenfassung der Erfindung

Diese Erfindung stellt neuartige Nukleinsäuremoleküle bereit, die sich zur Identifizierung oder Klassifizierung von *Corynebacterium*
30 *glutamicum* oder verwandten Bakterienarten verwenden lassen. *C. glutamicum* ist ein gram-positives, aerobes Bakterium, das gewöhnlich in der Industrie für die Produktion im Großmaßstab einer Reihe von Feinchemikalien und auch zum Abbau von Kohlenwasserstoffen (bspw. beim Überlaufen von Rohöl) und zur Oxidation von
35 Terpenoiden gemeinhin verwendet wird. Die Nukleinsäuremoleküle können daher zum Identifizieren von Mikroorganismen eingesetzt werden, die sich zur Produktion von Feinchemikalien, bspw. durch Fermentationsverfahren, verwenden lassen. *C. glutamicum* selbst ist zwar nicht-pathogen, jedoch ist es mit anderen *Corynebacteri-*
40 *um*-Arten, wie *Corynebacterium diphtheriae* (dem Erreger der Diphtherie) verwandt, die bedeutende Pathogene beim Menschen sind. Die Fähigkeit, das Vorhandensein von *Corynebacterium*-Arten zu identifizieren, kann daher auch eine signifikante klinische Bedeutung haben, z.B. bei diagnostischen Anwendungen. Diese Nu-
45 kleinsäuremoleküle können zudem als Bezugspunkte zur Kartierung

des *C. glutamicum*-Genoms oder von Genomen verwandter Organismen dienen.

Diese neuen Nukleinsäuremoleküle codieren Proteine, die hier als
5 Genstabilitäts-, Genexpressions- oder Proteinsekretions-/Faltungs- (SES-) Proteine bezeichnet werden. Diese SES-Proteine können bspw. eine an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Expression von Genen (d. h. die an der Transkription oder Translation beteiligt sind), Protein-
10 faltung oder Proteinsekretion in *C. glutamicum* beteiligte Funktion ausüben. Aufgrund der Verfügbarkeit von in *Corynebacterium glutamicum* verwendbaren Klonierungsvektoren, wie bspw. offenbart in Sinskey et al., US-Patent Nr. 4 649 119, und von Techniken zur genetischen Manipulation von *C. glutamicum* und den verwandten
15 *Brevibacterium*-Arten (z.B. *lactofermentum*) (Yoshihama et al., J. Bacteriol. 162:591-597 (1985); Katsumata et al., J. Bacteriol. 159:306-311 (1984); und Santamaria et al. J. Gen. Microbiol. 130:2237-2246 (1984)), lassen sich die erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle zur genetischen Manipulation dieses Organismus ver-
20 wenden, damit er ein effizienterer Produzent einer oder mehrerer Feinchemikalien wird. Diese verbesserte Produktion oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie kann aufgrund einer direkten Auswirkung der Manipulation eines erfindungsgemäßen Gens oder aufgrund einer indirekten Auswirkung einer solchen Manipulation
25 erfolgen.

Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen SES-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einem *C.*
30 *glutamicum*-Stamm, der dieses veränderte Protein enthält, direkt beeinflussen kann. Zum Beispiel sollte die Modulation von Proteinen, die direkt an der Transkription oder Translation beteiligt sind (z.B. Polymerasen oder Ribosomen), so daß ihre Anzahl oder Aktivität gesteigert wird, die zelluläre Transkription oder
35 Translation (oder die Geschwindigkeiten dieser Prozesse) insgesamt steigern. Diese erhöhte zelluläre Genexpression sollte solche Proteine umfassen, die an der Feinchemikalienbiosynthese beteiligt sind, so daß eine Steigerung der Ausbeute, Produktion oder Effizienz der Produktion einer oder mehrerer gewünschten
40 Verbindungen erfolgen kann. Modifikationen der Transkriptions-/Translations-Proteinmaschinerie von *C. glutamicum*, so daß die Regulation dieser Proteine verändert wird, kann auch die erhöhte Expression von Genen, die an der Produktion von Feinchemikalien beteiligt sind, ermöglichen. Die Modulation der Aktivität
45 einer Reihe von Proteinen, die an der Peptidfaltung beteiligt sind, kann eine Erhöhung der Gesamtproduktion korrekt gefalteter Moleküle in der Zelle ermöglichen, wodurch die Möglichkeit erhöht

wird, daß gewünschte Proteine (z.B. Feinchemikalienbiosynthese-Proteine) richtig funktionieren. Ferner kann es durch Mutation von an der Sekretion aus *C. glutamicum* beteiligten Proteinen, so daß ihre Anzahl oder Aktivität erhöht ist, möglich sein, die Sekretion einer Feinchemikalie (z.B. eines Enzyms) aus Zellen in der Fermentationskultur zu erhöhen, aus der sie leicht gewonnen werden kann.

Die genetische Modifikation der erfindungsgemäßen SES-Moleküle kann auch zu einer indirekten Modulation der Produktion einer oder mehrerer Feinchemikalien führen. Beispielsweise kann man durch Erhöhen der Anzahl oder Aktivität eines erfindungsgemäßen DNA-Reparatur- oder -Rekombinationsproteins die Fähigkeit der Zelle, eine DNA-Schädigung zu entdecken und zu reparieren, erhöhen. Dies sollte die Fähigkeit der Zelle, ein mutiertes Gen in ihrem Genom zu halten, wirksam erhöhen und dadurch die Wahrscheinlichkeit erhöhen, daß ein gentechnologisch in *C. glutamicum* eingebrachtes Transgen (das z.B. ein Protein codiert, das die Biosynthese einer Feinchemikalie steigert) nicht während der Züchtung des Mikroorganismus verloren geht. Dagegen kann es durch Verringern der Anzahl oder Aktivität eines oder mehrerer DNA-Reparatur- oder -Rekombinationsproteine möglich sein, die genetische Instabilität des Organismus zu steigern. Diese Manipulationen sollten die Fähigkeit des Organismus, durch Mutagenese modifiziert zu werden, verbessern, ohne daß die eingebrachte Mutation berichtigt wird. Das gleiche gilt für Proteine, die an der Transposition oder Umlagerung genetischer Elemente in *C. glutamicum* beteiligt sind (z.B. Transposons). Durch Mutagenese dieser Proteine, so daß ihre Anzahl oder Aktivität entweder gesteigert oder verringert wird, ist es möglich, gleichzeitig die genetische Stabilität des Mikroorganismus zu steigern oder zu verringern. Dies hat eine bedeutende Auswirkung darauf, daß eine andere Mutation in *C. glutamicum* eingebracht und die eingebrachte Mutation beibehalten werden kann. Transposons bieten ebenfalls einen geeigneten Mechanismus, durch den die Mutagenese von *C. glutamicum* durchgeführt werden kann; die Duplikation gewünschter Gene (z.B. von Feinchemikalienbiosynthese-Genen) läßt sich leicht mittels Transposonmutagenese durchführen, wie auch die Disruption ungewünschter Gene (z.B. Gene, die am Abbau gewünschter Feinchemikalien beteiligt sind).

Durch die Modulation eines oder mehrerer Proteine (z.B. Sigma-Faktoren), die an der Regulation der Transkription oder Translation in Reaktion auf besondere Umweltbedingungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Zelle daran zu hindern, daß sie die Proteinsynthese unter ungünstigen Umweltbedingungen, wie man sie in einer Fermenterkultur im Großmaßstab antrifft, verlangsamt

oder beendet. Dies sollte zu erhöhter Genexpression führen, was wiederum die gesteigerte Biosynthese gewünschter Feinchemikalien unter diesen Bedingungen ermöglichen kann. Die Mutagenese von an Sekretionssystemen beteiligten Proteinen kann zu modulierten

5 Sekretionsraten führen. Viele dieser sezernierten Proteine haben Funktionen, die für die Zellebensfähigkeit wichtig sind (z.B. Zelloberflächenproteasen oder -Rezeptoren). Eine Änderung des Sekretionswegs, so daß diese Proteine leichter an ihren extrazellulären Ort transportiert werden, kann die Gesamtlebensfähigkeit

10 der Zelle erhöhen und somit zu höheren Zahlen an *C. glutamicum*-Zellen führen, die Feinchemikalien während eine Züchtung im Großmaßstab produzieren können. Ferner ist der Sekretionsapparat (z.B. das sec-System) bekanntlich auch an der Insertion von integralen Membranproteinen (z.B. Poren, Kanälen oder Transportern)

15 in die Membran beteiligt. So kann die Modulation der Aktivität von Proteinen, die an der Proteinsekretion aus *C. glutamicum* beteiligt sind, die Fähigkeit der Zelle zur Ausscheidung von Abfallprodukten oder zum Import notwendiger Metabolite beeinflussen. Ist die Aktivität dieser sekretorischen Proteine erhöht,

20 kann ebenfalls die Fähigkeit der Zelle zur Produktion von Feinchemikalien erhöht sein. Ist die Aktivität dieser sekretorischen Proteine verringert, können nicht genügend Nährstoffe zur Unterstützung der Überproduktion gewünschter Verbindungen vorhanden sein, oder Abfallprodukte können diese Biosynthese stören.

25

Die Erfindung stellt neue Nukleinsäuremoleküle bereit, die Proteine codieren, die hier als SES-Proteine bezeichnet werden und bspw an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Expression von Genen (d. h. den Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* beteiligt sein können. Nukleinsäuremoleküle, die ein SES-Protein codieren, werden hier als SES-Nukleinsäuremoleküle bezeichnet. Bei einer bevorzugten Ausführungsform ist ein SES-Protein an der Verbesserung oder

30 Verringerung der genetischen Stabilität in *C. glutamicum*, der Expression von Genen (z.B. bei der Transkription oder Translation) oder der Proteinfaltung in diesem Organismus oder an der Proteinsekretion aus *C. glutamicum* beteiligt. Beispiele für solche Proteine sind diejenigen, die von den in Tabelle 1 angegebenen Genen

40 codiert werden.

Ein Aspekt der Erfindung betrifft folglich isolierte Nukleinsäuremoleküle (bspw. cDNAs), umfassend eine Nukleotidsequenz, die ein SES-Protein oder biologisch aktive Abschnitte davon codiert,

45 sowie Nukleinsäurefragmente, die sich als Primer oder Hybridisierungssonden zum Nachweis oder zur Amplifikation von SES-codierenden Nukleinsäure (bspw. DNA oder mRNA) eignen. Bei besonders be-

vorzugten Ausführungsformen umfaßt das isolierte Nukleinsäuremolekül eine der in Anhang A aufgeführten Nukleotidsequenzen oder den codierenden Bereich einer dieser Nukleotidsequenzen oder ein Komplement davon. In anderen bevorzugten Ausführungsformen codiert das isolierte Nukleinsäuremolekül eine der in Anhang B aufgeführten Aminosäuresequenzen. Die bevorzugten erfindungsgemäßen SES-Proteine besitzen ebenfalls vorzugsweise mindestens eine der hier beschriebenen SES-Aktivitäten.

10 Als Anhang A werden im folgenden die Nukleinsäuresequenzen des Sequenzprotokolls zusammen mit den in Tabelle 1 beschriebenen Sequenzveränderungen an der jeweiligen Position definiert.

Als Anhang B werden im folgenden die Polypeptidsequenzen des Sequenzprotokolls zusammen mit den in Tabelle 1 beschriebenen Sequenzveränderungen an der jeweiligen Position definiert.

Bei einer weiteren Ausführungsform ist das isolierte Nukleinsäuremolekül mindestens 15 Nukleotide lang und hybridisiert unter stringenten Bedingungen an ein Nukleinsäuremolekül, das eine Nukleotidsequenz aus Anhang A umfaßt. Das isolierte Nukleinsäuremolekül entspricht vorzugsweise einem natürlich vorkommenden Nukleinsäuremolekül. Die isolierte Nukleinsäure codiert stärker bevorzugt ein natürlich vorkommendes *C. glutamicum*-SES-Protein oder einen biologisch aktiven Abschnitt davon.

Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft Vektoren, bspw. rekombinante Expressionsvektoren, die die erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle enthalten, und Wirtszellen, in die diese Vektoren eingebracht worden sind. Bei einer Ausführungsform wird diese Wirtszelle zur Herstellung eines SES-Proteins verwendet, indem die Wirtszelle in einem geeigneten Medium gezüchtet wird. Das SES-Protein kann dann aus dem Medium oder der Wirtszelle isoliert werden.

Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft einen genetisch veränderten Mikroorganismus, bei dem ein SES-Gen eingebracht oder verändert worden ist. Das Genom des Mikroorganismus ist bei einer Ausführungsform durch Einbringen mindestens eines erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls verändert worden, das die mutierte SES-Sequenz als Transgen codiert. Bei einer anderen Ausführungsform ist ein endogenes SES-Gen im Genom des Mikroorganismus durch homologe Rekombination mit einem veränderten SES-Gen verändert, z.B. funktionell disruptiert, worden. Der Mikroorganismus gehört bei einer bevorzugten Ausführungsform zur Gattung *Corynebacterium* oder *Brevibacterium*, wobei *Corynebacterium glutamicum* besonders bevorzugt ist. Der Mikroorganismus wird in einer bevorzugten Aus-

führungsform auch zur Herstellung einer gewünschten Verbindung, wie einer Aminosäure, verwendet, wobei Lysin besonders bevorzugt ist.

- 5 Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft ein isoliertes SES-Protein oder einen Abschnitt, bspw. einen biologisch aktiven Abschnitt, davon. Das isolierte SES-Protein oder sein Abschnitt kann in einer bevorzugten Ausführungsform an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material,
- 10 Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilnehmen. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform ist das isolierte SES-Protein oder ein Abschnitt davon hinreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz von Anhang B, so daß das
- 15 Protein oder sein Abschnitt die Fähigkeit behält, bspw. an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilzunehmen.

20

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform sind Wirtszellen, die mehr als eine der in Anhang A beschriebenen Nukleinsäuremoleküle besitzen. Solche Wirtszellen lassen sich auf verschiedene dem Fachmann bekannte Wege herstellen. Beispielsweise können sie

- 25 durch Vektoren, die mehrere der erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle tragen, transfiziert werden. Es ist aber auch möglich mit einem Vektor jeweils ein erfindungsgemäßes Nukleinsäuremolekül in die Wirtszelle einzubringen und deshalb mehrere Vektoren entweder gleichzeitig oder zeitlich abgestuft einzusetzen. Es können somit
- 30 Wirtszellen konstruiert werden, die zahlreiche, bis zu mehreren Hundert der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen tragen. Durch eine solche Akkumulation lassen sich häufig überadditive Effekte auf die Wirtszelle hinsichtlich der Feinchemikalien-Produktivität erzielen.

35

Die Erfindung stellt zudem ein isoliertes SES-Proteinpräparat bereit. Das SES-Protein umfaßt bei bevorzugten Ausführungsformen eine Aminosäuresequenz aus Anhang B. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform betrifft die Erfindung ein isoliertes Vollän-

40 genprotein, das zu einer vollständigen Aminosäuresequenz aus Anhang B (welche von einem offenen Leseraster in Anhang A codiert wird) im wesentlichen homolog ist.

- Das SES-Polypeptid oder ein biologisch aktiver Abschnitt davon
- 45 kann mit einem Nicht-SES-Polypeptid funktionsfähig verbunden werden, damit ein Fusionsprotein entsteht. Dieses Fusionsprotein hat bei bevorzugten Ausführungsformen eine andere Aktivität als das

- SES-Protein allein. Bei anderen bevorzugten Ausführungsformen nimmt dieses Fusionsprotein an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teil. Die Integration dieses Fusionsproteins in eine Wirtszelle moduliert bei besonders bevorzugten Ausführungsformen die Produktion einer gewünschten Verbindung von der Zelle.
- 10 Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung einer Feinchemikalie. Das Verfahren sieht die Anzucht einer Zelle vor, die einen Vektor enthält, der die Expression eines erfindungsgemäßen SES-Nukleinsäuremoleküls bewirkt, so daß eine Feinchemikalie produziert wird. Dieses Verfahren umfaßt bei
- 15 einer bevorzugten Ausführungsform zudem den Schritt der Gewinnung einer Zelle, die einen solchen Vektor enthält, wobei die Zelle mit einem Vektor transfiziert ist, der die Expression einer SES-Nukleinsäure bewirkt. Dieses Verfahren umfaßt bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform zudem den Schritt, bei dem die Fein-
- 20 chemikalie aus der Kultur gewonnen wird. Die Zelle gehört bei einer besonders bevorzugten Ausführungsform zur Gattung *Corynebacterium* oder *Brevibacterium*.

- Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft Verfahren zur Modulation der Produktion eines Moleküls von einem Mikroorganismus. Diese Verfahren umfassen das Zusammenbringen der Zelle mit einer Substanz, die die SES-Proteinaktivität oder die SES-Nukleinsäure-Expression moduliert, so daß eine zellassoziierte Aktivität verglichen mit der gleichen Aktivität bei Fehlen der Substanz verändert wird. Die Zelle wird bei einer bevorzugten Ausführungsform hinsichtlich einer oder mehrerer *C. glutamicum*-Prozesse moduliert, die an der genetischen Stabilität, Genexpression, Proteinfaltung oder Proteinsekretion beteiligt sind, so daß die Ausbeute, Produktion oder Effizienz der Produktion einer gewünschten
- 30 Feinchemikalien durch diesen Mikroorganismus verbessert wird. Die Substanz, die die SES-Proteinaktivität moduliert, kann eine Substanz sein, die die SES-Proteinaktivität oder die SES-Nukleinsäure-Expression stimuliert. Beispiele für Substanzen, die die SES-Proteinaktivität oder SES-Nukleinsäureexpression stimulieren,
- 40 umfassen kleine Moleküle, aktive SES-Proteine und Nukleinsäuren, die SES-Proteine codieren und in die Zelle eingebracht worden sind. Beispiele für Substanzen, die die SES-Aktivität oder -Expression hemmen, umfassen kleine Moleküle und SES-Antisense-Nukleinsäuremoleküle.

Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft Verfahren zur Modulation der Ausbeuten einer gewünschten Verbindung von einer Zelle, umfassend das Einbringen eines SES-Wildtyp- oder -Mutantengens in eine Zelle, das entweder auf einem gesonderten Plasmid bleibt
5 oder in das Genom der Wirtszelle integriert wird. Die Integration in das Genom kann zufallsgemäß oder durch homologe Rekombination erfolgen, so daß das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, was die Produktion der gewünschten Verbindung von der zu modulierenden Zelle hervorruft. Diese Ausbeuten sind bei einer
10 bevorzugten Ausführungsform erhöht. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform ist die Chemikalie eine Feinchemikalie, die in einer besonders bevorzugten Ausführungsform eine Aminosäure ist. Diese Aminosäure ist in einer besonders bevorzugten Ausführungsform L-Lysin.

15

Eingehende Beschreibung der Erfindung

Die vorliegende Erfindung stellt SES-Nukleinsäure- und -Proteinmoleküle bereit, die an der Reparatur oder Rekombination von DNA,
20 Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* beteiligt sind. Die erfindungsgemäßen Moleküle können zur Modulation der Produktion von Feinchemikalien von Mikroorganismen, wie *C. glutamicum*,
25 entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung der Aktivität eines an der Sekretion einer Feinchemikalie beteiligten Proteins (z.B. eines Enzyms) eine direkte Auswirkung auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie von den modifizierten *C. glutamicum* hat) oder
30 durch indirekte Auswirkung verwendet werden, die dennoch zu einer Erhöhung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der gewünschten Verbindung führt, (z.B. wenn die Modulation der Aktivität oder Kopienzahl eines *C. glutamicum*-DNA-Reparaturproteins zu Änderungen in der Fähigkeit des Mikroorganismus, die eingebrachte
35 Mutation aufrechtzuerhalten, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Feinchemikalien von diesem Stamm beeinflussen kann). Die Aspekte der Erfindung sind nachstehend weiter erläutert.

40 I. Feinchemikalien

Der Begriff "Feinchemikalie" ist im Fachgebiet bekannt und beinhaltet Moleküle, die von einem Organismus produziert werden und in verschiedenen Industriezweigen Anwendungen finden, wie bspw.,
45 jedoch nicht beschränkt auf die pharmazeutische Industrie, die Landwirtschafts- und Kosmetikindustrie. Diese Verbindungen umfassen organische Säuren, wie Weinsäure, Itaconsäure und Diaminopi-

melinsäure, sowohl proteinogene als auch nicht-proteinogene Aminosäuren, Purin- und Pyrimidinbasen, Nukleoside und Nukleotide (wie bspw. beschrieben in Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, S. 561-612, in Biotechnology Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten), Lipide, gesättigte und ungesättigte Fettsäuren (bspw. Arachidonsäure), Diole (bspw. Propandiol und Butandiol), Kohlehydrate (bspw. Hyaluronsäure und Trehalose), aromatische Verbindungen (bspw. aromatische Amine, Vanillin und Indigo), Vitamine und Cofaktoren (wie beschrieben in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A27, "Vitamins", S. 443-613 (1996) VCH: Weinheim und den darin enthaltenen Zitaten; und Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for Free Radical Research - Asien, abgehalten am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press (1995)), Enzyme und sämtliche anderen von Gutcho (1983) in Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086 und den darin angegebenen Literaturstellen beschriebenen Chemikalien. Der Metabolismus und die Verwendungen bestimmter Feinchemikalien sind nachstehend weiter erläutert.

A. Metabolismus und Verwendungen von Aminosäuren

Die Aminosäuren umfassen die grundlegenden Struktureinheiten sämtlicher Proteine und sind somit für die normalen Zellfunktionen in allen Organismen essentiell. Der Begriff "Aminosäure" ist im Fachgebiet bekannt. Die proteinogenen Aminosäuren, von denen es 20 Arten gibt, dienen als Struktureinheiten für Proteine, in denen sie über Peptidbindungen miteinander verknüpft sind, wohingegen die nicht-proteinogenen Aminosäuren (von denen Hunderte bekannt sind) gewöhnlich nicht in Proteinen vorkommen (siehe Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 57-97 VCH: Weinheim (1985)). Die Aminosäuren können in der optischen D- oder L-Konfiguration vorliegen, obwohl L-Aminosäuren gewöhnlich der einzige Typ sind, den man in natürlich vorkommenden Proteinen vorfindet. Biosynthese- und Abbauewege von jeder der 20 proteinogenen Aminosäuren sind sowohl bei prokaryotischen als auch eukaryotischen Zellen gut charakterisiert (siehe bspw. Stryer, L., Biochemistry, 3. Auflage, S. 578-590 (1988)). Die "essentiellen" Aminosäuren (Histidin, Isoleucin, Leucin, Lysin, Methionin, Phenylalanin, Threonin, Tryptophan und Valin), so bezeichnet, weil sie aufgrund der Komplexität ihrer Biosynthese gewöhnlich mit der Ernährung aufgenommen werden müssen, werden durch einfache Biosynthesewege in die übrigen 11 "nichtessentiellen" Aminosäuren (Alanin, Arginin, Asparagin, Aspartat, Cystein, Glutamat, Glutamin, Glycin, Prolin, Serin und Tyrosin) umgewandelt. Höhere

Tiere besitzen die Fähigkeit, einige dieser Aminosäuren zu synthetisieren, jedoch müssen die essentiellen Aminosäuren mit der Nahrung aufgenommen werden, damit eine normale Proteinsynthese stattfindet.

5

- Abgesehen von ihrer Funktion bei der Proteinbiosynthese sind diese Aminosäuren interessante Chemikalien an sich, und man hat entdeckt, daß viele bei verschiedenen Anwendungen in der Nahrungsmittel-, Futter-, Chemie-, Kosmetik-, Landwirtschafts- und pharmazeutischen Industrie zum Einsatz kommen. Lysin ist nicht nur für die Ernährung des Menschen eine wichtige Aminosäure, sondern auch für monogastrische Tiere, wie Geflügel und Schweine. Glutamat wird am häufigsten als Geschmacksadditiv (Mononatriumglutamat, MSG) sowie weithin in der Nahrungsmittelindustrie verwendet, wie auch Aspartat, Phenylalanin, Glycin und Cystein. Glycin, L-Methionin und Tryptophan werden sämtlich in der pharmazeutischen Industrie verwendet. Glutamin, Valin, Leucin, Isoleucin, Histidin, Arginin, Prolin, Serin und Alanin werden in der pharmazeutischen Industrie und der Kosmetikindustrie verwendet. Threonin, Tryptophan und D-/L-Methionin sind weitverbreitete Futtermittelzusätze (Leuchtenberger, W. (1996) Amino acids - technical production and use, S. 466-502 in Rehm et al., (Hrsg.) Biotechnology Bd. 6, Kapitel 14a, VCH: Weinheim). Man hat entdeckt, daß sich diese Aminosäuren außerdem als Vorstufen für die Synthese von synthetischen Aminosäuren und Proteinen, wie N-Acetylcystein, S-Carboxymethyl-L-cystein, (S)-5-Hydroxytryptophan und anderen in Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 57-97, VCH, Weinheim, 1985 beschriebenen Substanzen eignen.
- Die Biosynthese dieser natürlichen Aminosäuren in Organismen, die sie produzieren können, bspw. Bakterien, ist gut charakterisiert worden (für einen Überblick der bakteriellen Aminosäure-Biosynthese und ihrer Regulation s. Umbarger, H.E. (1978) Ann. Rev. Biochem. 47:533-606). Glutamat wird durch reduktive Aminierung von α -Ketoglutarat, einem Zwischenprodukt im Citronensäure-Zyklus, synthetisiert. Glutamin, Prolin und Arginin werden jeweils nacheinander aus Glutamat erzeugt. Die Biosynthese von Serin erfolgt in einem Dreischritt-Verfahren, beginnt mit 3-Phosphoglycerat (einem Zwischenprodukt der Glykolyse) und ergibt nach Oxidations-, Transaminierungs- und Hydrolyseschritten diese Aminosäure. Cystein und Glycin werden jeweils aus Serin produziert, und zwar die erstere durch Kondensation von Homocystein mit Serin, und die letztere durch Übertragung des Seitenketten- β -Kohlenstoffatoms auf Tetrahydrofolat in einer durch Serin-Transhydroxymethylase katalysierten Reaktion. Phenylalanin und Tyrosin werden aus den Vorstufen des Glykolyse- und Pentosephosphatweges, Erythrose-4-phosphat und Phosphoenolpyruvat, in einem 9-Schritt-Bio-

syntheseweg synthetisiert, der sich nur in den letzten beiden Schritten nach der Synthese von Präphenat unterscheidet. Tryptophan wird ebenfalls aus diesen beiden Ausgangsmolekülen produziert, jedoch erfolgt dessen Synthese in einem 11-Schritt-Weg.

- 5 Tyrosin läßt sich in einer durch Phenylalaninhydroxylase katalysierten Reaktion auch aus Phenylalanin herstellen. Alanin, Valin und Leucin sind jeweils Biosyntheseprodukte aus Pyruvat, dem Endprodukt der Glykolyse. Aspartat wird aus Oxalacetat, einem Zwischenprodukt des Citratzyklus, gebildet. Asparagin, Methionin,
- 10 Threonin und Lysin werden jeweils durch Umwandlung von Aspartat produziert. Isoleucin wird aus Threonin gebildet. In einem komplexen 9-Schritt-Weg erfolgt die Bildung von Histidin aus 5-Phosphoribosyl-1-pyrophosphat, einem aktivierten Zucker.
- 15 Aminosäuren, deren Menge den Proteinbiosynthesebedarf übersteigt, können nicht gespeichert werden, und werden statt dessen abgebaut, so daß Zwischenprodukte für die Haupt-Stoffwechselwege der Zelle bereitgestellt werden (für einen Überblick siehe Stryer, L., Biochemistry, 3. Aufl. Kap. 21 "Amino Acid Degradation and
- 20 the Urea Cycle"; S 495-516 (1988)). Die Zelle ist zwar in der Lage, ungewünschte Aminosäuren in nützliche Stoffwechsel-Zwischenprodukte umzuwandeln, jedoch ist die Aminosäureproduktion hinsichtlich der Energie, der Vorstufenmoleküle und der für ihre Synthese nötigen Enzyme aufwendig. Es überrascht daher nicht, daß
- 25 die Aminosäure-Biosynthese durch Feedback-Hemmung reguliert wird, wobei das Vorliegen einer bestimmten Aminosäure ihre eigene Produktion verlangsamt oder ganz beendet (für einen Überblick über Rückkopplungs-Mechanismen bei Aminosäure-Biosynthesewegen, siehe Stryer, L., Biochemistry, 3. Aufl., Kap. 24, "Biosynthesis of
- 30 Amino Acids and Heme", S. 575-600 (1988)). Der Ausstoß einer bestimmten Aminosäure wird daher durch die Menge dieser Aminosäure in der Zelle eingeschränkt.

B. *Metabolismus und Verwendungen von Vitaminen, Cofaktoren und*
35 *Nutrazeutika*

- Vitamine, Cofaktoren und Nutrazeutika umfassen eine weitere Gruppe von Molekülen. Höhere Tiere haben die Fähigkeit verloren, diese zu synthetisieren und müssen sie somit aufnehmen, obwohl
- 40 sie leicht durch andere Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden. Diese Moleküle sind entweder biologisch aktive Moleküle an sich oder Vorstufen von biologisch aktiven Substanzen, die als Elektronenüberträger oder Zwischenprodukte bei einer Reihe von Stoffwechselwegen dienen. Diese Verbindungen haben neben ihrem
- 45 Nährwert auch einen signifikanten industriellen Wert als Farbstoffe, Antioxidantien und Katalysatoren oder andere Verarbeitung-Hilfsstoffe. (Für einen Überblick über die Struktur, Akti-

vität und die industriellen Anwendungen dieser Verbindungen siehe bspw. Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins", Bd. A27, S. 443-613, VCH: Weinheim, 1996). Der Begriff "Vitamin" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt Nährstoffe, die von einem Organismus für eine normale Funktion benötigt werden, jedoch nicht von diesem Organismus selbst synthetisiert werden können. Die Gruppe der Vitamine kann Cofaktoren und nutrazeutische Verbindungen umfassen. Der Begriff "Cofaktor" umfaßt nicht-proteinartige Verbindungen, die für das Auftreten einer normalen Enzymaktivität nötig sind. Diese Verbindungen können organisch oder anorganisch sein; die erfindungsgemäßen Cofaktor-Moleküle sind vorzugsweise organisch. Der Begriff "Nutrazeutikum" umfaßt Nahrungsmittelzusätze, die bei Pflanzen und Tieren, insbesondere dem Menschen, gesundheitsfördernd sind. Beispiele solcher Moleküle sind Vitamine, Antioxidantien und ebenfalls bestimmte Lipide (z.B. mehrfach ungesättigte Fettsäuren).

Die Biosynthese dieser Moleküle in Organismen, die zu ihrer Produktion befähigt sind, wie Bakterien, ist umfassend charakterisiert worden (Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins", Bd. A27, S. 443-613, VCH: Weinheim, 1996, Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons; Ong, A.S., Niki, E. und Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia and the Society for free Radical Research - Asien, abgehalten am 1.-3. Sept. 1994 in Penang, Malaysia, AOCS Press, Champaign, IL X, 374 S).

Thiamin (Vitamin B₁) wird durch chemisches Kuppeln von Pyrimidin und Thiazol-Einheiten gebildet. Riboflavin (Vitamin B₂) wird aus Guanosin-5'-triphosphat (GTP) und Ribose-5'-phosphat synthetisiert. Riboflavin wiederum wird zur Synthese von Flavinmononukleotid (FMN) und Flavinadenindinukleotid (FAD) eingesetzt. Die Familie von Verbindungen, die gemeinsam als "Vitamin B₆" bezeichnet werden (bspw. Pyridoxin, Pyridoxamin, Pyridoxal-5'-phosphat und das kommerziell verwendete Pyridoxinhydrochlorid), sind alle Derivate der gemeinsamen Struktureinheit 5-Hydroxy-6-methylpyridin. Panthothenat (Pantothenensäure, R-(+)-N-(2,4-Dihydroxy-3,3-dimethyl-1-oxobutyl)-β-alanin) kann entweder durch chemische Synthese oder durch Fermentation hergestellt werden. Die letzten Schritte bei der Pantothensäure-Biosynthese bestehen aus der ATP-getriebenen Kondensation von β-Alanin und Pantoinsäure. Die für die Biosyntheseschritte für die Umwandlung in Pantoinsäure, in β-Alanin und zur Kondensation in Pantothensäure verantwortlichen Enzyme sind bekannt. Die metabolisch aktive Form von Pantothensäure ist Coenzym A, dessen Biosynthese über 5 enzymatische Schritte

13

verläuft. Pantothenat, Pyridoxal-5'-phosphat, Cystein und ATP sind die Vorstufen von Coenzym A. Diese Enzyme katalysieren nicht nur die Bildung von Pantothenat, sondern auch die Produktion von (R)-Pantoinsäure, (R)-Pantolacton, (R)-Panthenol (Provitamin B₅),
5 Pantethein (und seinen Derivaten) und Coenzym A.

Die Biosynthese von Biotin aus dem Vorstufenmolekül Pimeloyl-CoA in Mikroorganismen ist ausführlich untersucht worden, und man hat mehrere der beteiligten Gene identifiziert. Es hat sich herausge-
10 stellt, daß viele der entsprechenden Proteine an der Fe-Cluster-Synthese beteiligt sind und zu der Klasse der nifS-Proteine gehören. Die Liponsäure wird von der Octanonsäure abgeleitet und dient als Coenzym beim Energie-Metabolismus, wo sie Bestandteil des Pyruvatdehydrogenasekomplexes und des α -Ketoglutaratdehydro-
15 genasekomplexes wird. Die Folate sind eine Gruppe von Substanzen, die alle von der Folsäure abgeleitet werden, die wiederum von L-Glutaminsäure, p-Aminobenzoesäure und 6-Methylpterin hergeleitet ist. Die Biosynthese der Folsäure und ihrer Derivate, ausgehend von den Stoffwechselzwischenprodukten Guanosin-5'-triphosphat
20 (GTP), L-Glutaminsäure und p-Aminobenzoesäure ist in bestimmten Mikroorganismen eingehend untersucht worden.

Corrinoide (wie die Cobalamine und insbesondere Vitamin B₁₂) und die Porphyrine gehören zu einer Gruppe von Chemikalien, die sich
25 durch ein Tetrapyrrol-Ringsystem auszeichnen. Die Biosynthese von Vitamin B₁₂ ist hinreichend komplex, daß sie noch nicht vollständig charakterisiert worden ist, jedoch ist inzwischen ein Großteil der beteiligten Enzyme und Substrate bekannt. Nikotinsäure (Nikotinat) und Nikotinamid sind Pyridin-Derivate, die auch als
30 "Niacin" bezeichnet werden. Niacin ist die Vorstufe der wichtigen Coenzyme NAD (Nikotinamidadenindinukleotid) und NADP (Nikotinamidadenindinukleotidphosphat) und ihrer reduzierten Formen.

Die Produktion dieser Verbindungen im Großmaßstab beruht größtenteils auf zellfreien chemischen Synthesen, obwohl einige dieser
35 Chemikalien, wie Riboflavin, Vitamin B₆, Pantothenat und Biotin, auch durch großangelegte Anzucht von Mikroorganismen produziert worden sind. Nur Vitamin B₁₂ wird aufgrund der Komplexität seiner Synthese lediglich durch Fermentation produziert. In-vitro-Ver-
40 fahren erfordern einen erheblichen Aufwand an Materialien und Zeit und häufig an hohen Kosten.

C. Purin-, Pyrimidin-, Nukleosid- und Nukleotid-Metabolismus und Verwendungen

Gene für den Purin- und Pyrimidin-Stoffwechsel und ihre entsprechenden Proteine sind wichtige Ziele für die Therapie von Tumorerkrankungen und Virusinfektionen. Der Begriff "Purin" oder "Pyrimidin" umfaßt stickstoffhaltige Basen, die Bestandteile der Nukleinsäuren, Coenzyme und Nukleotide sind. Der Begriff "Nukleotid" beinhaltet die grundlegenden Struktureinheiten der Nukleinsäuremoleküle, die eine stickstoffhaltige Base, einen Pentose-Zucker (bei RNA ist der Zucker Ribose, bei DNA ist der Zucker D-Desoxyribose) und Phosphorsäure umfassen. Der Begriff "Nukleosid" umfaßt Moleküle, die als Vorstufen von Nukleotiden dienen, die aber im Gegensatz zu den Nukleotiden keine Phosphorsäureeinheit aufweisen. Durch Hemmen der Biosynthese dieser Moleküle oder ihrer Mobilisierung zur Bildung von Nukleinsäuremolekülen ist es möglich, die RNA- und DNA-Synthese zu hemmen; wird diese Aktivität zielgerichtet bei Krebszellen gehemmt, läßt sich die Teilungs- und Replikationsfähigkeit von Tumorzellen hemmen. Es gibt zudem Nukleotide, die keine Nukleinsäuremoleküle bilden, jedoch als Energiespeicher (d.h. AMP) oder als Coenzyme (d.h. FAD und NAD) dienen.

Mehrere Veröffentlichungen haben die Verwendung dieser Chemikalien für diese medizinischen Indikationen beschrieben, wobei der Purin- und/oder Pyrimidin-Metabolismus beeinflusst wird (bspw. Christopherson, R.I. und Lyons, S.D. (1990) "Potent inhibitors of de novo pyrimidine and purine biosynthesis as chemotherapeutic agents", Med. Res. Reviews 10:505-548). Untersuchungen an Enzymen, die am Purin- und Pyrimidin-Metabolismus beteiligt sind, haben sich auf die Entwicklung neuer Medikamente konzentriert, die bspw. als Immunsuppressiva oder Antiproliferantien verwendet werden können (Smith, J.L. (1995) "Enzymes in Nucleotide Synthesis" Curr. Opin. Struct. Biol. 5:752-757; (1995) Biochem. Soc. Transact. 23:877-902). Die Purin- und Pyrimidinbasen, Nukleoside und Nukleotide haben jedoch auch andere Einsatzmöglichkeiten: als Zwischenprodukte bei der Biosynthese verschiedener Feinchemikalien (z.B. Thiamin, S-Adenosyl-methionin, Folate oder Riboflavin), als Energieträger für die Zelle (bspw. ATP oder GTP) und für Chemikalien selbst, die gewöhnlich als Geschmacksverstärker (bspw. IMP oder GMP) oder für viele medizinische Anwendungen verwendet werden (siehe bspw. Kuninaka, A., (1996) "Nucleotides and Related Compounds in Biotechnology Bd. 6, Rehm et al., Hrsg. VCH: Weinheim, S. 561-612). Enzyme, die am Purin-, Pyrimidin-, Nukleosid- oder Nukleotid-Metabolismus beteiligt sind, dienen auch immer stärker als Ziele, gegen die Chemikalien für den Pflanzen-

schutz, einschließlich Fungiziden, Herbiziden und Insektiziden, entwickelt werden.

Der Metabolismus dieser Verbindungen in Bakterien ist charakterisiert worden (für Übersichten siehe bspw. Zalkin, H. und Dixon, J.E. (1992) "De novo purin nucleotide biosynthesis" in Progress in Nucleic Acids Research and Molecular Biology, Bd. 42, Academic Press, S. 259-287; und Michal, G. (1999) "Nucleotides and Nucleosides"; Kap. 8 in: Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley, New York). Der Purin-Metabolismus, das Objekt intensiver Forschung, ist für das normale Funktionieren der Zelle essentiell. Ein gestörter Purin-Metabolismus in höheren Tieren kann schwere Erkrankungen verursachen, bspw. Gicht. Die Purinnukleotide werden aus Ribose-5-phosphat über eine Reihe von Schritten über die Zwischenverbindung Inosin-5'-phosphat (IMP) synthetisiert, was zur Produktion von Guanosin-5'-monophosphat (GMP) oder Adenosin-5'-monophosphat (AMP) führt, aus denen sich die als Nukleotide verwendeten Triphosphatformen leicht herstellen lassen. Diese Verbindungen werden auch als Energiespeicher verwendet, so daß ihr Abbau Energie für viele verschiedene biochemische Prozesse in der Zelle liefert. Die Pyrimidinbiosynthese erfolgt über die Bildung von Uridin-5'-monophosphat (UMP) aus Ribose-5-phosphat. UMP wiederum wird in Cytidin-5'-triphosphat (CTP) umgewandelt. Die Desoxyformen sämtlicher Nukleotide werden in einer Einschnitt-Reduktionsreaktion aus der Diphosphat-Riboseform des Nukleotides zur Diphosphat-Desoxyriboseform des Nukleotides hergestellt. Nach der Phosphorylierung können diese Moleküle an der DNA-Synthese teilnehmen.

30 D. *Trehalose-Metabolismus und Verwendungen*

Trehalose besteht aus zwei Glucosemolekülen, die über eine α, α -1,1-Bindung miteinander verknüpft sind. Sie wird gewöhnlich in der Nahrungsmittelindustrie als Süßstoff, als Additiv für getrocknete oder gefrorene Nahrungsmittel sowie in Getränken verwendet. Sie wird jedoch auch in der pharmazeutischen Industrie, der Kosmetik- und Biotechnologie-Industrie angewendet (s. bspw. Nishimoto et al., (1998) US-Patent Nr. 5 759 610; Singer, M.A. und Lindquist, S. (1998) Trends Biotech. 16:460-467; Paiva, C.L.A. und Panek, A.D. (1996) Biotech Ann. Rev. 2:293-314; und Shiosaka, M. (1997) J. Japan 172:97-102). Trehalose wird durch Enzyme von vielen Mikroorganismen produziert und auf natürliche Weise in das umgebende Medium abgegeben, aus dem sie durch im Fachgebiet bekannte Verfahren gewonnen werden kann.

II. Genetische Stabilität, Proteinsynthese und Proteinsekretion in *C. glutamicum*

Die Produktion einer gewünschten Verbindung von einer Zelle, wie
5 *C. glutamicum*, ist die Kulmination einer großen Zahl an getrennten und trotzdem miteinander verknüpften Prozessen, von denen jeder für die Gesamtproduktion und die Freisetzung der Verbindung aus der Zelle entscheidend ist. Bei der Veränderung einer Zelle, so daß sie eine oder mehrere Chemikalien überproduziert, muß jeder dieser Prozesse berücksichtigt werden, um zu gewährleisten,
10 daß die biochemische Maschinerie der Zelle mit dieser genetischen Manipulation kompatibel ist. Besonders bedeutende zelluläre Mechanismen umfassen die Stabilität des/der veränderten Gen(s/e) beim Einbringen in die Zelle, die Fähigkeit der mutierten Gens, richtig transkribiert und translatiert zu werden (einschließlich
15 der Codonverwendung) und die Fähigkeit des mutierten Proteinproduktes, richtig gefaltet und/oder sezerniert zu werden.

A. Bakterielle Reparatur- und Rekombinationssysteme

20 Zellen sind ständig nukleinsäureschädigenden Agenzien, wie UV-Be-strahlung, Sauerstoffradikale und Alkylierung, ausgesetzt. Ferner ist sogar die Wirkung von DNA-Polymerasen nicht fehlerfrei. Die Zellen müssen ein Gleichgewicht zwischen der genetischen Stabilität (die gewährleistet, daß Gene, die für zelluläre Funktionen
25 notwendig sind, nicht während des normalen Wachstums und Stoffwechsels beschädigt werden) und der genetische Variabilität (die es den Zellen ermöglicht, sich an eine sich ändernde Umwelt anzupassen) aufrechterhalten. Daher gibt es in den meisten Zellen getrennte, aber miteinander zusammenhängende Wege für die DNA-Reparatur und DNA-Rekombination. Ersterer dient der strikten Korrektur von Fehlern in DNA-Molekülen durch entweder das direkte Rückgängigmachen der Schädigung oder durch Ausschneiden des geschädigten Bereichs und Ersetzen durch die korrekte Sequenz. Das
30 letztere Rekombinationssystem repariert auch Nukleinsäuremoleküle, aber nur solche Schäden, die zu einer Schädigung in beiden DNA-Strängen führen, so daß kein Strang als Matrice zur Korrektur des anderen verwendet werden kann. Die Rekombinationsreparatur und die SOS-Reaktion können leicht zu Inversionen, Deletionen
40 oder anderen genetischen Umlagerungen innerhalb des oder um den beschädigten Bereich führen, was wiederum einen bestimmten Grad an genomischer Instabilität fördert, der zur Fähigkeit der Zelle, sich an ändernde Umgebungen oder Streß anzupassen, beitragen kann.

High-fidelity-Reparaturmechanismen beinhalten das direkte Rückgängigmachen des DNA-Schadens und das Ausschneiden des Schadens und die Resynthese unter Verwendung der im Gegenstrang codierten Information. Das direkte Rückgängigmachen des Schadens erfordert
5 ein Enzym mit einer Aktivität, die das Gegenteil desjenigen bewirkt, was ursprünglich die DNA beschädigt hat. Beispielsweise kann eine unrichtige Methylierung von DNA durch die Wirkung von DNA-Reparatur-Methyltransferasen korrigiert werden, und durch UV-
10 Bestrahlung erzeugte Nukleotiddimere können durch die Aktivität der Desoxyribodipyrimidinphotolyase repariert werden, die in Gegenwart von Licht das Dimer wieder in die entsprechenden Nukleotide spaltet (s. Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley: New York, und die darin zitierten Literaturstellen).

15 Die genaue Reparatur größerer Schäden erfordert spezialisierte Reparaturmechanismen. Dazu gehören die Mismatch-Reparatur- und die Ausschneide-Reparatursysteme. Die Beschädigung einer einzelnen Base kann durch eine Reihe von Spaltungsreaktionen korrigiert
20 werden, wobei zuerst die Zuckerbindung gespalten wird, gefolgt von Spaltung des DNA-Rückgrats an der beschädigten Stelle und Entfernen der beschädigten Base selbst. Schließlich bewirken DNA-Polymerase und DNA-Ligase das Auffüllen und Versiegeln der Lücke unter Verwendung des zweiten DNA-Strangs als Matrize. Ein erheblicherer DNA-Schaden, der zu einer veränderten Konformation der
25 Doppelhelix führt, wird durch das ABC-System korrigiert, bei dem Helicase II, DNA-Polymerase I, die UvrA-, UvrB- und UvrC-Proteine zusammen die Doppelhelix an der beschädigten Stelle einzelsträngig spalten, den beschädigten Bereich auf ATP-abhängige Weise
30 aufwinden, den beschädigten Bereich ausschneiden und den fehlenden Bereich mit dem anderen Strang als Matrize auffüllen. Schließlich versiegelt die DNA-Ligase den Einzelstrangbruch. Spezifische Reparatursysteme gibt es auch für G-T-Mismatches (an denen das Vsr-Protein beteiligt ist) und für kleine Deletions-/Insertionsfehler aufgrund der falschen Reparatur der beiden Stränge
35 (an denen der methylierungsgesteuerte Weg beteiligt ist).

Es gibt auch Low-fidelity-Reparatursysteme, die gewöhnlich zur Korrektur sehr ausgedehnter DNA-Schäden bei Bakterien verwendet
40 werden. Doppelstrangreparatur und Rekombination erfolgen bei Vorliegen einer Schädigung, die beide DNA-Stränge betrifft. In dieser Situation ist es unmöglich, den Schaden unter Verwendung des anderen Strangs als Matrize zu reparieren. Somit beinhaltet das Reparatursystem ein Doppel-Crossover-Ereignis zwischen dem be-
45 schädigten Bereich und einer anderen Kopie des Bereichs auf einem homologen DNA-Molekül. Dies ist möglich, da sich Bakterien so schnell teilen, daß eine zweite Kopie der genomischen DNA gewöhn-

lich verfügbar ist, bevor die Zellteilung tatsächlich stattfindet. Dieses Crossover-Ereignis kann leicht zu Inversionen, Duplikationen, Deletionen, Insertionen und anderen genetischen Umlagerungen führen und erhöht so insgesamt die genetische Instabilität des Organismus.

Die SOS-Reaktion wird aktiviert, wenn eine ausreichende Schädigung in der DNA vorliegt, daß die DNA-Polymerase III anhält und nicht mit der Replikation fortfahren kann. Unter diesen Umständen ist einzelsträngige DNA zugegen. Das RecA-Protein wird durch Bindung an einzelsträngige DNA aktiviert, und diese aktivierte Form führt zur Aktivierung des LexA-Repressors, wodurch der Transkriptionsblock von mehr als 20 Genen aufgehoben wird, einschließlich UvrA, UvrB, UvrC, Helicase II, DNA pol III, UmuC und UmuD. Die kombinierten Aktivitäten dieser Enzyme bewirken ein ausreichendes Auffüllen des Lückenbereichs, daß DNA pol III die Replikation wieder aufnehmen kann. Diese Lücken werden jedoch mit Basen aufgefüllt, die nicht vorliegen sollten; somit führt dieser Reparaturtyp zu einer fehleranfälligen Reparatur, was insgesamt zur genetischen Instabilität in der Zelle beiträgt.

B. Transposons

Die oben genannten Systeme mit High- oder Low-fidelity sollen DNA-Schäden reparieren. Unter bestimmten Umständen kann diese Reparatur zusätzliche Genumlagerungen umfassen. Viele Bakterienzellen haben außerdem Mechanismen, die spezifisch solche Genumlagerungen verursachen sollen. Besonders gut bekannte Beispiele für solche Mechanismen sind die Transposons.

Transposons sind genetische Elemente, die von einer Stelle zu einer anderen entweder innerhalb eines Chromosoms oder zwischen einem Stück extrachromosomaler DNA (z.B. einem Plasmid) und einem Chromosom wandern können. Die Transposition auf auf mehrere Weisen erfolgen; beispielsweise kann das transponierbare Element aus der Donorstelle ausgeschnitten und in die Zielstelle integriert werden (nicht-replikative Transposition), oder das transponierbare Element kann alternativ von der Donorstelle zur Zielstelle dupliziert werden, was zwei Kopien des Elements ergibt (replikative Transposition). Gewöhnlich gibt es keine Sequenzverwandtschaft zwischen der Donor- und der Zielstelle.

Dieses Transpositionseignis hat eine Vielzahl möglicher Ergebnisse. Die Integration eines transposablen Elementes in ein Gen disrumpiert das Gen, was dessen Funktion gewöhnlich völlig ausschaltet. Ein Integrationsereignis, das in der das Gen umgebenden DNA stattfindet, kann nicht die codierende Sequenz selbst stören,

- aber eine grundlegende Auswirkung auf die Regulation des Gens und somit auf seine Expression haben. Rekombinationsereignisse zwischen zwei Kopien eines transposablen Elementes, das sich in verschiedenen Abschnitten des Genoms befindet, können zu Deletionen, Duplikationen, Inversionen, Transpositionen oder Amplifikationen von Segmenten des Genoms führen. Es ist auch möglich, daß verschiedene Replikons fusionieren.

- Die einfachsten transposonartigen genetischen Elemente werden als Insertions- (IS-) Elemente bezeichnet. IS-Elemente enthalten einen Nukleotidbereich variabler Länge (aber gewöhnlich weniger als 1500 Basen), der keine codierenden Bereiche enthält und an jedem Ende von Inverted Repeats umgeben ist. Da das IS-Element keine Proteine codiert, deren Aktivität nachgewiesen werden kann, wird das Vorliegen eines IS-Elementes gewöhnlich nur aufgrund eines Funktionsverlustes von einem oder mehreren Genen, in die das IS-Element inseriert ist, beobachtet.

- Transposons sind mobile genetische Elemente, die im Gegensatz zu IS-Elementen von Repeats begrenzte Nukleinsäuresequenzen enthalten, die ein oder mehrere Proteine codieren können. Es ist nicht ungewöhnlich, daß diese Repeatbereiche aus IS-Elementen bestehen. Die vom Transposon codierten Proteine sind gewöhnlich Transposasen (Proteine, die die Wanderung des Transposons von einer Stelle zur anderen katalysieren) und Antibiotika-Resistenzgene. Die Mechanismen und die Regulation der transposablen Elemente sind im Fachgebiet bekannt und wurden zumindest bspw. beschrieben in: Lengeler et al. (1999) *Biology of Prokaryotes*, Thieme Verlag: Stuttgart, S. 375-361; Neidhardt et al. (1996) *Escherichia coli* and *Salmonella*, ASM Press: Washington, D.C.; Sonenshein, A.L., et al., Hrsg. (1993) *Bacillus subtilis*, ASM Press, Washington, D.C.; Voet, D., und Voet, J.G. (1992) *Biochemie*, VCH: Weinheim, S. 985-990; Brock, T.D., und Madigan, M.T. (1991) *Biology of Microorganisms*, 6. Aufl. Prentice Hall: New York, S. 267-269; und Kleckner, N. (1990) "Regulation of transposition in bacteria", *Annu. Rev. Biochem.* 61:297-327.

C. Transkription

- Die Genexpression in Bakterien wird hauptsächlich auf der Ebene der Transkription reguliert. Der Transkriptionsapparat besteht aus einer Reihe von Proteinen, die man in zwei Gruppen einteilen kann: RNA-Polymerase (das operierende DNA-transkribierende Enzym) und Sigma-Faktoren (die die Gentranskription regulieren, indem sie die RNA-Polymerase zu spezifischer Promotor-DNA-Sequenzen lenken, die diese Faktoren erkennen). Die Kombination von RNA-Polymerase und Sigma-Faktoren erzeugt das RNA-Polymerase-Holoenzym,

einen aktivierten Komplex. Gram-positive Bakterien, wie Corynebakterien, enthalten nur einen Typ der RNA-Polymerase, aber eine Anzahl verschiedener Sigma-Faktoren, die für verschiedene Promotoren, Wachstumsphasen, Umweltbedingungen, Substrate, Sauerstoffspiegel, Transportprozesse und dgl. Spezifisch sind, wodurch sich der Organismus an verschiedene Umwelt- und Stoffwechselbedingungen anpassen kann.

Promotoren sind spezifische DNA-Sequenzen, die als Andockstellen für das RNA-Polymerase-Holoenzym dienen. Viele Promotorelemente besitzen konservierte Sequenzelemente, die durch Homologiesuchen erkannt werden können; alternativ können Promotorbereiche für ein bestimmtes Gen unter Verwendung von Standard-Techniken, wie Primerextension, identifiziert werden. Viele Promotorbereiche von gram-positiven Bakterien sind bekannt (s. z.B. Sonenshein, A.L., Hoch, J.A., und Losick, R., Hrsg. (1993) *Bacillus subtilis*, ASM Press: Washington, D.C.).

Die Promotor-Transkriptionskontrolle wird durch mehrere Repressions- oder Aktivierungsmechanismen beeinflusst. Spezifische regulatorische Proteine, die an Promotoren binden, haben die Fähigkeit, die Bindung des RNA-Holoenzym zu blockieren (Repressoren) oder diese zu unterstützen (Aktivatoren) und so die Transkription zu regulieren. Die Bindung dieser Repressor- und Aktivatormoleküle wird wiederum durch ihre Wechselwirkungen mit anderen Molekülen, wie Proteinen oder anderen Stoffwechselverbindungen, reguliert. Die Transkription kann alternativ durch Faktoren reguliert werden, die Prozesse, wie die Elongation oder Termination beeinflussen (s. z.B. Sonenshein, A.L., Hoch, J.A., und Losick, R., Hrsg. (1993) *Bacillus subtilis*, ASM Press: Washington, D.C.). Durch die Fähigkeit, die Transkription von Genen als Reaktion auf eine Vielzahl von Umwelt- oder Stoffwechselzeichen zu regulieren, können die Zellen genau steuern, wann ein Gen exprimiert werden kann und wieviel eines Genproduktes in der Zelle zu einem Zeitpunkt vorliegen kann. Dies verhindert wiederum die unnötige Verschwendung von Energie oder die unnötige Verwendung möglicherweise rarer Zwischenverbindungen oder Cofaktoren.

D. Translation und Aminoacyl-tRNA-Synthetasen

Die Translation ist der Prozeß, durch den ein Polypeptid aus Aminosäuren gemäß der in einem RNA-Molekül enthaltenen Information synthetisiert wird. Die Hauptkomponenten dieses Prozesses sind Ribosomen und spezifische Initiations- oder Elongationsfaktoren, wie IF1-3, ERFINDUNGSGEMÄSS-G und EFTu (s. z.B. Sonenshein, A.L.,

Hoch, J.A., und Losick, R., Hrsg. (1993) *Bacillus subtilis*, ASM Press: Washington, D.C.).

Jedes Codon des mRNA-Moleküls codiert eine bestimmte Aminosäure.

- 5 Die Umwandlung von mRNA in Aminosäure wird durch Transfer-RNA- (tRNA-) Moleküle durchgeführt. Diese Moleküle bestehen aus einem RNA-Einzelstrang (zwischen 60 und 100 Basen), der in einer L-förmigen dreidimensionalen Struktur mit hinausragenden Bereichen oder "Armen" vorliegt. Einer dieser Arme bildet Basenpaare mit
- 10 einer bestimmten Codonsequenz auf dem mRNA-Molekül. Ein zweiter Arm interagiert spezifisch mit einer bestimmten Aminosäure (die vom Codon codiert wird). Andere tRNA-Arme umfassen den variablen Arm, den T Ψ C-Arm (der Thymidylat- und Pseudouridylatmodifikationen trägt) und den D-Arm (der eine Dihydrouridinmodifikation
- 15 trägt). Die Funktion dieser letzteren Strukturen ist immer noch unbekannt, aber ihre Konservierung zwischen den tRNA-Molekülen legt eine Rolle bei der Proteinsynthese nahe.

- Damit das auf Nukleinsäure basierende tRNA-Molekül sich mit der
- 20 korrekten Aminosäure paart, muß eine Familie von Enzymen, die als Aminoacyl-tRNA-Synthetasen bezeichnet werden, wirken. Es gibt viele verschiedene dieser Enzyme, und jedes ist spezifisch für eine bestimmte tRNA und eine bestimmte Aminosäure. Diese Enzyme binden das 3'-Hydroxyl der endständigen tRNA-Adenosin-Ribose-Einheit in einer Zwei-Schritt-Reaktion an die Aminosäure. Zuerst
- 25 wird das Enzym durch Reaktion mit ATP und der Aminosäure aktiviert, woraus ein Aminoacyl-tRNA-Synthetase-Aminoacyl-Adenylat-Komplex resultiert. Zweitens wird die Aminoacylgruppe vom Enzym auf die Ziel-tRNA übertragen, an der sie in einem energiereichen
- 30 Zustand bleibt. Die Bindung des tRNA-Moleküls an sein Erkennungscodon auf dem mRNA-Molekül bringt dann die an die tRNA gebundene energiereiche Aminosäure in Kontakt mit dem Ribosom. Innerhalb des Ribosoms besetzt die Aminosäure-beladene tRNA (Aminoacyl-tRNA) eine Bindungsstelle (die A-Stelle) neben einer zweiten
- 35 Stelle (der P-Stelle), die ein tRNA-Molekül trägt, dessen Aminosäure an die naszierende Polypeptidkette gebunden ist (Peptidyl-tRNA). Die aktivierte Aminosäure an der Aminoacyl-tRNA ist ausreichend reaktiv, daß sich spontan eine Peptidbindung zwischen dieser Aminosäure und der nächsten Aminosäure an der naszierenden
- 40 Polypeptidkette bildet. Die GTP-Hydrolyse liefert die Energie zum Transfer der jetzt mit der Polypeptidkette beladenen tRNA von der A-Stelle zur P-Stelle des Ribosoms, und der Prozeß wiederholt sich, bis ein Stoppcodon erreicht wird.

- 45 Es gibt eine Reihe verschiedener Schritte, an denen die Translation reguliert werden kann. Dazu gehören die Bindung des Ribosoms an mRNA, das Vorliegen von mRNA-Sekundärstruktur, die Codonver-

wendung oder die Häufigkeit bestimmter tRNAs. Auch spezielle Regulationsmechanismen, wie Attenuation, können auf der Translationsebene wirken. Eine tiefgreifende Übersicht über viele dieser Mechanismen s. z.B. in Vellanoweth, R.L. (1993) "Translation and
5 its Regulation", in: *Bacillus subtilis* and other Gram Positive Bacteria, Sonenshein, A.L., et al., Hrsg., ASM Press: Washington, D.C., S. 699-711 und die darin zitierten Literaturstellen.

E. Proteinfaltung und -Sekretion

10

Die Synthese von Proteinen durch das Ribosom führt zu Polypeptidketten, die eine dreidimensionale Form annehmen müssen, bevor das Protein normal funktionieren kann. Die dreidimensionale Struktur wird durch einen Faltungsprozeß erzielt. Polypeptidketten sind
15 flexibel und bewegen sich (im Prinzip) leicht und frei in Lösung, bis sie eine Konformation annehmen, die zu einer stabilen dreidimensionalen Struktur führt. Manchmal ist es jedoch für Proteine schwierig, sich richtig zu falten, entweder aufgrund der Umweltbedingungen (z.B. hohe Temperatur, bei der die im System vorhan-
20 dene kinetische Energie es dem Protein schwieriger macht, in das Energieloch einer stabilen Struktur zu fallen) oder aufgrund der Art des Proteins selbst (z.B. neigen hydrophobe Bereiche in nahe beieinander befindlichen Proteinen zur Aggregation, wodurch sie sich selbst aus wäßrigen Lösungen ausfällen).

25

Proteinartige Faktoren sind identifiziert worden, die die Faltung von Proteinen katalysieren, begleiten oder anderweitig unterstützen können und co- oder posttranslational synthetisiert werden. Zu diesen Proteinfaltungsmolekülen gehören die Prolyl-Peptidyl-
30 Isomerasen (z.B. Trigger-Faktor, Cyclophilin und FKBP-Homologa) sowie Proteine der Hitzeschockprotein-Gruppe (z.B. DnaK, DnaJ, GroEL, kleine Hitzeschockproteine, HtpG und Mitglieder der Clp-Familie (z.B. ClpA, ClpB, ClpW, ClpP und ClpX). Viele dieser Proteine sind für die Lebensfähigkeit von Zellen wichtig: zusätzlich
35 zu ihrer Funktion bei der Proteinfaltung, -translokation und -prozessierung dienen sie häufig als Ziele für die Gesamtregulation der Proteinsynthese (s. z.B. Bukau, B. (1993) *Molecular Microbiology* 9(4):671-680; Bukau, B., und Horwich, A.L. (1998) *Cell* 92(3):351-366; Hesterkamp, T., Bukau, C. (1996) *FEBS Lett.*
40 389(1):32-34; Yaron, A., Naider, F. (1993) *Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology* 28(1):31-81; Scheibel, R., Buchner, J. (1998) *Biochemical Pharmacology* 56(6):675-682; Ellis, R.J., Hartl, F.U. (1996) *FASEB Journal* 10(1):20-26; Wawrzynow, A., et al. (1996) *Molecular Microbiology* 21(5):895-899; Ewalt,
45 K.L., et al. (1997) *Cell* 90(3):491-500).

Die bisher identifizierten Chaperone wirken auf zwei Weisen: sie binden entweder an Polypeptide und stabilisieren diese oder sie stellen eine Umgebung bereit, in der die Faltung ohne Störung stattfinden kann. Die erstere Gruppe, einschließlich z.B. DnaK, DnaJ und der Hitzeschockproteine, bindet direkt an das naszierende oder falsch gefaltete Polypeptid, häufig begleitet von ATP-Hydrolyse. Die Bindung des Chaperons verhindert, daß das Polypeptid mit anderen Polypeptiden aggregiert, und kann die Auflösung dieser Aggregate, wenn sie sich bereits gebildet haben, erzwingen. Nach der Wechselwirkung mit einem zweiten Chaperon GrpE (das das Auftreten eines ADP-ATP-Austauschs ermöglicht) wird das Polypeptid im Molten-globule-Zustand freigesetzt und kann sich falten. Wenn eine falsche Faltung auftritt, binden die Chaperone wieder an das falsch gefaltete Protein und erzwingen seine Rückkehr in einen ungefalteten Zustand. Dieser Zyklus kann wiederholt werden, bis das Protein korrekt gefaltet ist. Im Gegensatz zur ersten Chaperongruppe, die einfach an das Polypeptid bindet, bindet die zweite Gruppe (z.B. GroEL/ES) nicht nur an das Polypeptid, sondern umgibt es vollständig, so daß es vor der Umgebung geschützt ist. Der GroEL/ES-Komplex besteht aus zwei aufeinander-gestapelten 14-gliedrigen Ringen mit einer hydrophoben inneren Oberfläche und einem "Deckel" aus einem 7-gliedrigen Ring. Das Polypeptid wird in einer ATP-abhängigen Reaktion in den Kanal im Zentrum dieses Komplexes gezogen, wo es sich ohne Störung durch andere Polypeptide falten kann. Falsch gefaltete Proteine werden nicht aus dem Komplex freigesetzt.

Ein wichtiger Schritt bei der Proteinfaltung ist die Bildung von Disulfidbindungen. Diese Bindungen, entweder innerhalb einer Untereinheit oder zwischen Untereinheiten von Proteinen, sind für die Proteininstabilität wichtig. Disulfidbindungen bilden sich leicht in wässriger Lösung, und es ist schwierig, eine falsche Disulfidbrückenbildung ohne Hilfe einer reduzierenden Umgebung rückgängig zu machen. Zur Unterstützung dieses Prozesses der korrekten Disulfidbrückenbildung findet man im Cytosol der meisten Zellen thiolhaltige Moleküle, wie Glutathion oder Thioredoxin und ihre entsprechenden Oxidations-/Reduktionssysteme (Loferer, H., Hennecke, H. (1994) Trends in Biochemical Sciences 19(4):169-171).

Zu bestimmten Zeiten ist jedoch die Faltung naszierender Polypeptidkette nicht wünschenswert, bspw. wenn diese Proteine sezerniert werden sollen. Der Faltungsprozeß führt gewöhnlich dazu, daß die hydrophoben Bereiche des Proteins sich im Zentrum des Proteins, entfernt von der wässrigen Lösung, befinden und die hydrophilen Bereiche an den äußeren Oberflächen des Proteins präsentiert werden. Diese Konformationsanordnung erzeugt zwar eine

höherer Stabilität für das Protein, erschwert aber die Translokation des Proteins über Membranen, da der hydrophobe Kern der Membran an sich inkompatibel mit dem hydrophilen Äußeren des Proteins ist. So werden die von der Zelle synthetisierten Proteine, die zum Äußeren der Zelle sezerniert werden müssen (z.B. Zelloberflächenenzyme und Membranrezeptoren) oder die in die Membran selbst inseriert werden müssen (z.B. Transporterproteine und Kanalproteine), gewöhnlich vor der Faltung sezerniert oder inseriert. Die gleichen Chaperone, die die Aggregation naszierender Polypeptidketten verhindern, verhindern auch die Faltung von Polypeptiden, bis sie nicht mehr gebraucht werden. Somit können diese Proteine naszierende Polypeptidketten zu einem geeigneten Ort in der Zelle "eskortieren", wo sie entweder entfernt werden, so daß die Faltung möglich wird, oder das Protein auf ein Transportsystem übertragen, das entweder das Polypeptid sezerniert oder seine Insertion in eine Membran unterstützt.

Im Verlauf der Evolution hat sich eine spezialisierte Proteinmaschinerie gebildet, die Proteine mit spezifischen Prosequenzen (die später durch Spaltung aus dem Protein entfernt werden) erkennt, bindet, transportiert und prozessiert. Die Maschinerie besteht aus einer Reihe von Proteinen, die man gemeinsam als sec (Typ-II-Sekretions-) System bezeichnet (eine Übersicht s. in Gilbert, M., et al. (1995) Critical Reviews in Biotechnology 15(1):13-39 und den Literaturstellen darin; Freudl, R. (1992) Journal of Biotechnology 23(3):231-240 und Literaturstellen darin; Neidhardt, F.C., et al. (1996) *E. coli* and *Salmonella*, ASM Press: Washington, D.C., S. 967-978; Binet, R., et al. (1997) Gene 192(1):7-11 und Rapoport, T.A. (1986) Critical Reviews in Biochemistry 20(1):73-137 und Literaturstellen darin). Das sec-System besteht aus Chaperonen (z.B. SecA und SecB), integralen Membranproteinen, die auch als Translokasen bezeichnet werden (z.B. SecY, SecE und SecG) und Signalpeptidasen (z.B. LepB). Das naszierende Polypeptid mit einer prosequenz, die zur Sekretion führt, wird von SecB gebunden, das es an SecA an der inneren Oberfläche der Zellmembran übergibt. SecA bindet an die Prosequenz und inseriert nach ATP-Hydrolyse in die Membran und zwingt auch einen Teil des Polypeptids durch die Membran. Der Rest des Polypeptids wird durch einen Komplex aus Translokasen, wie SecY, SecE und SecG, durch die Membran geleitet. Schließlich spaltet die Signalpeptidase die Prosequenz ab, und das Polypeptid befindet sich frei auf der extrazellulären Seite der Membran, wo es sich spontan faltet.

Auch Sec-unabhängige Sekretionsmechanismen sind bekannt. Beispielsweise umfaßt der Signalerkennungspartikel-abhängige Weg die Bindung eines Signalerkennungspartikel- (SRP-) Proteins an das

naszierende Polypeptid während seiner Synthese, wodurch das Ribosom anhält. Ein Rezeptor für SRP an der inneren Oberfläche der Membran bindet dann den Ribosom-Polypeptid-SRP-Komplex. GTP-Hydrolyse liefert die Energie, die zur Übertragung des Komplexes auf den sec-Translokase-Komplex nötig ist, an dem das Polypeptid während seiner Synthese durch das Ribosom über die Membran geleitet wird. Bekanntlich existieren andere, für nur wenige Proteine spezifische Sekretionsmechanismen.

10 III. Elemente und Verfahren der Erfindung

Die vorliegende Erfindung beruht zumindest teilweise auf der Entdeckung von neuen Molekülen, die hier als SES-Nukleinsäure- und Proteinmoleküle bezeichnet werden und an der Reparatur oder Rekombination von DNA in *C. glutamicum*, Transposition oder anderen Umlagerung von *C. glutamicum*-DNA, Genexpression in *C. glutamicum* (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion diese Mikroorganismus teilnehmen. In einer Ausführungsform nehmen die SES-Moleküle an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teil. In einer bevorzugten Ausführungsform hat die Aktivität der erfindungsgemäßen SES-Moleküle bezüglich der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von DNA, Genexpression, Proteinfaltung oder Proteinsekretion eine Auswirkung auf die Produktion einer gewünschten Feinchemikalie durch diesen Mikroorganismus. In einer besonders bevorzugten Ausführungsform ist die Aktivität der erfindungsgemäßen SES-Moleküle moduliert, so daß auch die Aktivität der *C. glutamicum*-Zellprozesse, an denen die erfindungsgemäßen SES-Proteine beteiligt sind, (z.B. Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von DNA, Genexpression, Proteinfaltung oder Proteinsekretion) verändert ist, was direkt oder indirekt zu einer Modulation der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer gewünschten Feinchemikalie durch *C. glutamicum* führt.

Der Begriff "SES-Protein" oder "SES-Polypeptid" umfaßt Proteine, die an einer Reihe von Zellprozessen beteiligt sind, die zur genetischen Stabilität, Genexpression, Proteinfaltung oder Proteinsekretion von *C. glutamicum* in Beziehung stehen. Beispielsweise kann ein SES-Protein an der DNA-Reparatur oder an Rekombinationsmechanismen bei *C. glutamicum*, Umlagerungen des genetischen Materials von *C. glutamicum* (wie den von Transposons vermittelten), der Transkription oder Translation von Genes in diesem Mikroorganismus, bei der Vermittlung der Proteinfaltung in *C. glutamicum* (wie der Aktivität von Chaperonen) oder der Sekretion von Protei-

nen aus *C. glutamicum*-Zellen (z.B. am sec-System) beteiligt sein. Beispiele für SES-Proteine umfassen solche, die von den in Tabelle 1 und Anhang A aufgeführten SES-Genen codiert werden. Die Ausdrücke "SES-Gen" oder "SES-Nukleinsäuresequenz" umfassen Nukleinsäuresequenzen, die ein SES-Protein codieren, das aus einem codierenden Bereich und entsprechenden untranslatierten 5'- und 3'-Sequenzbereichen besteht. Beispiele für SES-Gene sind die in Tabelle 1 aufgelisteten. Die Begriffe "Produktion" oder "Produktivität" sind im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des Fermentationsproduktes (bspw. der gewünschten Feinchemikalie), das innerhalb einer festgelegten Zeitspanne und eines festgelegten Fermentationsvolumens gebildet wird (bspw. kg Produkt pro Std. pro l). Der Begriff "Effizienz der Produktion" umfaßt die Zeit, die zur Erzielung einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (bspw. wie lange die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Ausstoßrate einer Feinchemikalie benötigt). Der Begriff "Ausbeute" oder "Produkt/Kohlenstoff-Ausbeute" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt die Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt (d.h. die Feinchemikalie). Dies wird bspw. gewöhnlich ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Vergrößern der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe "Biosynthese" oder "Biosyntheseweg" sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, bspw. in einem Mehrschritt- oder stark regulierten Prozeß. Die Begriffe "Abbau" oder "Abbauweg" sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt, kleinere oder weniger komplexe Moleküle), bspw. in einem Mehrschritt- oder stark regulierten Prozeß. Der Begriff "Metabolismus" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt die Gesamtheit der biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden. Der Metabolismus einer bestimmten Verbindung (z.B. der Metabolismus einer Aminosäure, wie Glycin) umfaßt dann sämtliche Biosynthese-, Modifikations- und Abbauwege in der Zelle, die diese Verbindung betreffen. Der Begriff "DNA-Reparatur" ist im Fachgebiet bekannt und beinhaltet zelluläre Mechanismen, durch die Fehler in der DNA (entweder aufgrund von Schäden, wie, aber nicht beschränkt auf Ultraviolettbestrahlung, Methyhasen, Low-fidelity-Replikation oder Mutagene) ausgeschnitten und korrigiert werden. Der Ausdruck "Rekombination" oder "DNA-Rekombination" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt zelluläre Mechanismen, durch die ausgedehnte DNA-Schäden, die beide Stränge eines DNA-Moleküls betreffen, durch homologe Rekombination mit einer anderen unbeschä-

digten Kopie des DNA-Moleküls innerhalb der gleichen Zelle korrigiert werden. Diese Reparaturen sind gewöhnlich low-fidelity und können zu Genumlagerungen führen. Der Begriff "Transposon" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt ein DNA-Element, das zufallsgemäß in das Genom eines Organismus inserieren kann und zur Disruption von Genen oder ihrer regulatorischen Bereiche oder zu Duplikationen, Inversionen, Deletionen und anderen Genumlagerungen führen kann. Der Begriff "Proteinfaltung" ist im Fachgebiet bekannt und umfaßt die Wanderung einer Polypeptidkette durch mehrere dreidimensionale Konfigurationen, bis die stabile, aktive, dreidimensionale Konfiguration erzielt wird. Die Bildung von Disulfidbindungen und die Sequestrierung hydrophober Bereiche aus der umgebenden wäßrigen Lösung liefern einige der Antriebskräfte für diesen Proteinfaltungsprozeß, und die korrekte Faltung kann durch die Aktivität von Chaperonen verstärkt werden. Die Begriffe "Sekretion" oder "Proteinsekretion" sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Bewegung von Proteinen vom Inneren der Zelle zum Äußeren der Zelle in einem Mechanismus, bei dem ein System von Sekretionsproteinen ihren Durchtritt über die Zellmembran zum Äußeren der Zelle ermöglicht.

Die erfindungsgemäßen SES-Moleküle sind in einer anderen Ausführungsform befähigt, die Produktion eines gewünschten Moleküls, wie einer Feinchemikalie, in einem Mikroorganismus, wie *C. glutamicum*, zu modulieren. Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen SES-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einem *C. glutamicum*-Stamm, der dieses veränderte Protein enthält, direkt beeinflussen kann. Zum Beispiel sollte die Modulation von Proteinen, die direkt an der Transkription oder Translation beteiligt sind (z.B. Polymerasen oder Ribosomen), so daß ihre Anzahl oder Aktivität gesteigert wird, die zelluläre Transkription oder Translation (oder die Geschwindigkeiten dieser Prozesse) insgesamt steigern. Diese erhöhte zelluläre Genexpression sollte solche Proteine umfassen, die an der Feinchemikalienbiosynthese beteiligt sind, so daß eine Steigerung der Ausbeute, Produktion oder Effizienz der Produktion einer oder mehrerer gewünschten Verbindungen erfolgen kann. Modifikationen der Transkriptions-/Translations-Proteinmaschinerie von *C. glutamicum*, so daß die Regulation dieser Proteine verändert wird, kann auch die erhöhte Expression von Genen, die an der Produktion von Feinchemikalien beteiligt sind, ermöglichen. Die Modulation der Aktivität einer Reihe von Proteinen, die an der Peptidfaltung beteiligt sind, kann eine Erhöhung der Gesamtproduktion korrekt gefalteter Moleküle in der Zelle ermöglichen, wodurch die Möglichkeit erhöht wird, daß gewünschte Proteine (z.B. Feinchemikalienbiosynthese-Proteine) richtig funktionieren können. Ferner kann

es durch Mutation von an der Sekretion aus *C. glutamicum* beteiligten Proteinen, so daß ihre Anzahl oder Aktivität erhöht ist, möglich sein, die Sekretion einer Feinchemikalie (z.B. eines Enzyms) aus Zellen in der Fermentationskultur zu erhöhen, aus der
5 sie leicht gewonnen werden kann.

Die genetische Modifikation der erfindungsgemäßen SES-Moleküle kann auch zu einer indirekten Modulation der Produktion einer oder mehrerer Feinchemikalien führen. Beispielsweise kann man
10 durch Erhöhen der Anzahl oder Aktivität eines erfindungsgemäßen DNA-Reparatur- oder -Rekombinationsproteins die Fähigkeit der Zelle, eine DNA-Schädigung zu entdecken und zu reparieren, erhöhen. Dies sollte die Fähigkeit der Zelle, ein mutiertes Gen in ihrem Genom zu halten, wirksam erhöhen und dadurch die Wahr-
15 scheinlichkeit erhöhen, daß ein gentechnologisch in *C. glutamicum* eingebrachtes Transgen (das z.B. ein Protein codiert, das die Biosynthese einer Feinchemikalie steigert) nicht während der Züchtung des Mikroorganismus verloren geht. Dagegen kann es durch Verringern der Anzahl oder Aktivität eines oder mehrerer DNA-Re-
20 paratur- oder -Rekombinationsproteine möglich sein, die genetische Instabilität des Organismus zu steigern. Diese Manipulationen sollten die Fähigkeit des Organismus, durch Mutagenese modifiziert zu werden, verbessern, ohne daß die eingebrachte Mutation berichtigt wird. Das gleiche gilt für Proteine, die an der Trans-
25 position oder Umlagerung genetischer Elemente in *C. glutamicum* beteiligt sind (z.B. Transposons). Durch Mutagenese dieser Proteine, so daß ihre Anzahl oder Aktivität entweder gesteigert oder verringert wird, ist es möglich, gleichzeitig die genetische Stabilität des Mikroorganismus zu steigern oder zu verringern. Dies
30 hat eine bedeutende Auswirkung darauf, daß eine andere Mutation in *C. glutamicum* eingebracht und die eingebrachte Mutation beibehalten werden kann. Transposons bieten ebenfalls einen geeigneten Mechanismus, durch den die Mutagenese von *C. glutamicum* durchgeführt werden kann; die Duplikation gewünschter Gene (z.B. von
35 Feinchemikalienbiosynthese-Genen) läßt sich leicht mittels Transposonmutagenese durchführen, wie auch die Disruption ungewünschter Gene (z.B. Gene, die am Abbau gewünschter Feinchemikalien beteiligt sind).

40 Durch die Modulation eines oder mehrerer Proteine (z.B. Sigma-Faktoren), die an der Regulation der Transkription oder Translation in Reaktion auf besondere Umweltbedingungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Zelle daran zu hindern, daß sie die Proteinsynthese unter ungünstigen Umweltbedingungen, wie man sie
45 in einer Fermenterkultur im Großmaßstab antrifft, verlangsamt oder beendet. Dies sollte zu erhöhter Genexpression führen, was wiederum die gesteigerte Biosynthese gewünschter Feinchemikalien

- unter diesen Bedingungen ermöglichen kann. Viele dieser sezernierten Proteine haben Funktionen, die für die Zellebensfähigkeit wichtig sind (z.B. Zelloberflächenproteasen oder -Rezeptoren). Eine Änderung des Sekretionswegs, so daß diese Proteine leichter an ihren extrazellulären Ort transportiert werden, kann die Gesamtlebensfähigkeit der Zelle erhöhen und somit zu höheren Zahlen an *C. glutamicum*-Zellen führen, die Feinchemikalien während eine Züchtung im Großmaßstab produzieren können. Da ferner bestimmte bakterielle Proteinsekretionswege (z.B. das sec-System) bekanntlich auch an der Insertion von integralen Membranproteinen (z.B. Rezeptoren, Kanälen, Poren oder Transportern) in die Membran beteiligt sind, kann die Modulation der Aktivität von Proteinen, die an der Proteinsekretion aus *C. glutamicum* beteiligt sind, die Fähigkeit der Zelle zur Ausscheidung von Abfallprodukten oder zum Import notwendiger Metabolite beeinflussen. Ist die Aktivität dieser sekretorischen Proteine erhöht, kann ebenfalls die Fähigkeit der Zelle zur Produktion von Feinchemikalien (durch ein gesteigertes Vorliegen von Transportern/Kanälen in der Membran, die Nährstoffe importieren oder Abfallprodukte ausscheiden können) erhöht sein. Ist die Aktivität dieser sekretorischen Proteine verringert, können nicht genügend Nährstoffe zur Unterstützung der Überproduktion gewünschter Verbindungen vorhanden sein, oder Abfallprodukte können diese Biosynthese stören.
- 25 Als Ausgangspunkt zur Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen eignet sich das Genom eines *Corynebacterium glutamicum*-Stammes, der von der American Type Culture Collection unter der Bezeichnung ATCC 13032 erhältlich ist.
- 30 Von diesen Nukleinsäuresequenzen lassen sich durch die in Tabelle 1 bezeichneten Veränderungen die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen mit üblichen Verfahren herstellen.

- Das erfindungsgemäße SES-Protein oder ein biologisch aktiver Abschnitt oder Fragment davon kann an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilnehmen oder eine oder mehrere der in Tabelle 1 beschriebenen Aktivitäten haben.

In den nachstehenden Unterabschnitten sind verschiedene Aspekte der Erfindung ausführlicher beschrieben:

A. Isolierte Nukleinsäuremoleküle

Ein Aspekt der Erfindung betrifft isolierte Nukleinsäuremoleküle, die SES-Polypeptide oder biologisch aktive Abschnitte davon codieren, sowie Nukleinsäurefragmente, die zur Verwendung als Hybridisierungssonden oder Primer zur Identifizierung oder Amplifizierung von SES-codierenden Nukleinsäuren (z.B. SES-DNA) hinreichen. Der Begriff "Nukleinsäuremolekül", wie hier verwendet, soll DNA-Moleküle (z.B. cDNA oder genomische DNA) und RNA-Moleküle (z.B. mRNA) sowie DNA- oder RNA-Analoga, die mittels Nukleotidanaloga erzeugt werden, umfassen. Dieser Begriff umfaßt zudem die am 3'- und am 5'-Ende des codierenden Genbereichs gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens etwa 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des 5'-Endes des codierenden Bereichs und mindestens etwa 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts des 3'-Endes des codierenden Bereichs des Gens. Das Nukleinsäuremolekül kann einzelsträngig oder doppelsträngig sein, ist aber vorzugsweise doppelsträngige DNA. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure zugegen sind. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, die die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (bspw. Sequenzen, die sich am 5'- bzw. 3'-Ende der Nukleinsäure befinden). In verschiedenen Ausführungsformen kann bspw. das isolierte SES-Nukleinsäuremolekül weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb der Nukleotidsequenzen, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt (bspw. eine *C. glutamicum*-Zelle) flankieren. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül, wie ein cDNA-Molekül, kann überdies im wesentlichen frei von anderem zellulären Material oder Kulturmedium sein, wenn es durch rekombinante Techniken hergestellt wird, oder frei von chemischen Vorstufen oder anderen Chemikalien sein, wenn es chemisch synthetisiert wird.

Ein erfindungsgemäßes Nukleinsäuremolekül, bspw. eine Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz aus Anhang A oder ein Abschnitt davon, kann mittels molekularbiologischer Standard-Techniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation hergestellt werden. Bspw. kann eine *C. glutamicum*-SES-cDNA aus einer *C. glutamicum*-Bank isoliert werden, indem eine vollständige Sequenz aus Anhang A oder ein Abschnitt davon als Hybridisierungssonde und Standard-Hybridisierungstechniken (wie bspw. beschrieben in Sambrook, J., Fritsch, E.F. und Maniatis, T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) verwendet werden. Überdies läßt sich ein Nu-

kleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz aus Anhang A oder einen Abschnitt davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz erstellt wurden, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz aus Anhang A oder einen Abschnitt davon, durch Polymerasekettenreaktion isoliert werden, indem Oligonukleotidprimer verwendet werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz aus Anhang A erstellt worden sind). Bspw. läßt sich mRNA aus normalen Endothelzellen isolieren (bspw. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299), und die cDNA kann mittels reverser Transkriptase (bspw. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich bei Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) hergestellt werden. Synthetische Oligonukleotidprimer für die Amplifizierung via Polymerasekettenreaktion lassen sich auf der Basis einer der in Anhang A gezeigten Nukleotidsequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann mittels cDNA oder alternativ genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß PCR-Standard-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und durch DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer SES-Nukleotidsequenz entsprechen, können ferner durch Standard-Syntheseverfahren, bspw. mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfaßt ein erfindungsgemäßes isoliertes Nukleinsäuremolekül eine der in Anhang A aufgeführten Nukleotidsequenzen.

Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfaßt ein erfindungsgemäßes isoliertes Nukleinsäuremolekül ein zu einer der in Anhang A gezeigten Nukleotidsequenzen komplementäres Nukleinsäuremolekül oder einen Abschnitt davon, wobei es sich um ein Nukleinsäuremolekül handelt, das zu einer der in Anhang A gezeigten Nukleotidsequenzen hinreichend komplementär ist, daß es mit einer der in Anhang A angegebenen Sequenzen hybridisieren kann, wodurch ein stabiler Duplex entsteht.

Bei einer Ausführungsform codiert das erfindungsgemäße Nukleinsäuremolekül ein Protein oder einen Abschnitt davon, der eine Aminosäuresequenz umfaßt, die hinreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz von Anhang B ist, daß das Protein oder ein Abschnitt davon die Fähigkeit behält, an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfal-

tung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilzunehmen. Wie hier verwendet, betrifft der Begriff "hinreichend homolog" Proteine oder Abschnitte davon, deren Aminosäuresequenzen eine minimale Anzahl identischer oder äquivalenter (bspw. einen
5 Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette wie ein Aminosäurerest in einer der Sequenzen von Anhang B) Aminosäurereste zu einer Aminosäuresequenz aus Anhang B aufweisen, so daß das Protein oder ein Abschnitt davon an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression
10 (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilnehmen kann. An der genetischen Stabilität, Genexpression, Proteinfaltung oder Proteinsekretion von *C. glutamicum* beteiligte Proteine, wie hier beschrieben, können eine Rolle bei der Produktion
15 und Sekretion einer oder mehrerer Feinchemikalien spielen. Beispiele dieser Aktivitäten sind ebenfalls hier beschrieben. Somit trägt die "Funktion eines SES-Proteins" direkt oder indirekt zur Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer oder mehrerer Feinchemikalien bei. Beispiele für SES-Proteine sind in
20 Tabelle 1 gezeigt.

Abschnitte von Proteinen, die von den erfindungsgemäßen SES-Nukleinsäuremolekülen codiert werden, sind vorzugsweise biologisch aktive Abschnitte von einem der SES-Proteine. Der Begriff "biologisch aktiver Abschnitt eines SES-Proteins", wie er hier verwendet wird, soll einen Abschnitt, bspw. eine Domäne/ein Motiv eines
25 SES-Proteins, umfassen, die/das an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h. Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilnimmt oder eine der in Tabelle 1 dargestellten Aktivitäten hat. Zur Bestimmung, ob ein SES-Protein oder ein biologisch aktiver Abschnitt davon an der Reparatur oder Rekombination von DNA, Transposition von genetischem Material, Genexpression (d. h.
30 Transkriptions- oder Translationsprozessen), Proteinfaltung oder Proteinsekretion in *Corynebacterium glutamicum* teilnehmen kann, kann ein Test der enzymatischen Aktivität durchgeführt werden. Diese Testverfahren, wie eingehend in Beispiel 8 des Beispiels beschreiben, sind dem Fachmann geläufig.

40 Zusätzlich zu natürlich vorkommenden Varianten der SES-Sequenz, die in der Population existieren können, ist der Fachmann sich ebenfalls bewußt darüber, daß Änderungen durch Mutation in eine Nukleotidsequenz von Anhang A eingebracht werden können, was zur
45 Änderung der Aminosäuresequenz des codierten SES-Proteins führt, ohne daß die Funktionsfähigkeit des SES-Proteins beeinträchtigt wird. Bspw. lassen sich Nukleotidsusbtitutionen, die an "nicht-

essentiellen" Aminosäureresten zu Aminosäuresubstitutionen führen, in einer Sequenz von Anhang A herstellen. Ein "nicht-essentieller" Aminosäurerest ist ein Rest, der sich in der Wildtypsequenz von einem der SES-Proteine (Anhang B) verändern läßt, ohne daß die Aktivität des SES-Proteins verändert wird, wohingegen ein "essentieller" Aminosäurerest für die SES-Proteinaktivität erforderlich ist. Andere Aminosäurereste jedoch (bspw. nicht-konservierte oder lediglich semikonservierte Aminosäurereste in der Domäne mit SES-Aktivität) können für die Aktivität nicht essentiell sein und lassen sich somit wahrscheinlich verändern, ohne daß die SES-Aktivität verändert wird.

Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das ein SES-Protein codiert, das zu einer Proteinsequenz aus Anhang B homolog ist, kann durch Einbringen von einer oder mehreren Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz aus Anhang A erzeugt werden, so daß eine oder mehrere Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das codierte Protein eingebracht werden. Die Mutationen können in eine der Sequenzen aus Anhang A durch Standard-Techniken, wie stellergerichtete Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, eingebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einem oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäurereste eingeführt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest durch einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin, Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), nicht-polaren Seitenketten, (bspw. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einem SES-Protein wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. In einer weiteren Ausführungsform können die Mutationen alternativ zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der SES-codierenden Sequenz eingebracht werden, bspw. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können auf eine hier beschriebene SES-Aktivität untersucht werden, um Mutanten zu identifizieren, die eine SES-Aktivität beibehalten. Nach der Mutagenese von einer der Sequenzen aus Anhang A kann das codierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Pro-

teins kann bspw. mit den hier beschriebenen Tests (siehe Beispiel 8 des Beispielteils) bestimmt werden.

B. Rekombinante Expressionsvektoren und Wirtszellen

5

Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, die eine Nukleinsäure enthalten, die ein SES-Protein (oder einen Abschnitt davon) codieren. Wie hier verwendet, betrifft der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzliche DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (bspw. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung und episomale Säugetiervektoren). Andere Vektoren (z.B. nicht-episomale Säugetiervektoren) werden in das Genom einer Wirtszelle beim Einbringen in die Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben die Expressionsvektoren, die bei DNA-Rekombinationstechniken verwendet werden können, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch andere Expressionsvektorformen, wie virale Vektoren (bspw. replikationsdefiziente Retroviren, Adenoviren und adenoverwandte Viren), die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen.

10

15

20

25

30

Die erfindungsgemäßen rekombinanten Expressionsvektoren umfassen eine erfindungsgemäße Nukleinsäure in einer Form, die sich zur Expression der Nukleinsäure in einer Wirtszelle eignet, d.h. daß die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere regulatorische Sequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, umfassen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden sind. In einem rekombinanten Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", daß die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die regulatorische(n) Sequenz(en) gebunden ist, daß die Expression der Nukleotidsequenz möglich ist (bspw. in einem in-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht ist). Der Begriff "regulatorische Sequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (bspw. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese

35

40

45

35

regulatorischen Sequenzen sind bspw beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Regulatorische Sequenzen umfassen solche, die die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen
5 Wirtszelltypen steuern, und solche, die die Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen steuern. Der Fachmann ist sich dessen bewußt, daß die Gestaltung eines Expressionsvektors von Faktoren abhängen kann, wie der Wahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem gewünschten Ausmaß der Protein-
10 nexpression usw. Die erfindungsgemäßen Expressionsvektoren können in die Wirtszellen eingebracht werden, so daß dadurch Proteine oder Peptide, einschließlich der Fusionsproteine oder -peptide, die von den Nukleinsäuren, wie hier beschrieben, codiert werden, hergestellt werden (bspw. SES-Proteine, mutierte Formen von SES-
15 Proteinen, Fusionsproteine, usw.).

Die erfindungsgemäßen rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von SES-Proteinen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen ausgestaltet sein. Bspw. können SES-Gene in bakteriellen Zellen, wie *C. glutamicum*, Insektenzellen (mit Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A. et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8: 423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J. et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi" in:
25 More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsg., S. 396-428: Academic Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi. in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F. et al., Hrsg, S. 1-28, Cambridge
30 University Press: Cambridge), Algenzellen und Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.: 583-586) oder Säugetierzellen exprimiert werden. Geeignete
35 Wirtszellen werden weiter erörtert in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, bspw. mit regulatorischen Sequenzen des T7-Promotors und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

40

Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, die die Expression von Fusions- oder Nicht-Fusionsproteinen steuern. Fusionsvektoren steuern eine Reihe von Aminosäuren zu
45 einem darin codierten Protein, gewöhnlich am Aminoterminus des rekombinanten Proteins, bei. Diese Fusionsvektoren haben gewöhnlich drei Aufgaben: 1) die Verstärkung der Expression von rekomb-

binantem Protein; 2) die Erhöhung der Löslichkeit des rekombinanten Proteins; und 3) die Unterstützung der Reinigung des rekombinanten Proteins durch Wirkung als Ligand bei der Affinitätsreinigung. Bei Fusions-Expressionsvektoren wird oft eine proteolytische Spaltstelle an der Verbindungsstelle der Fusionseinheit und des rekombinanten Proteins eingebracht, so daß die Trennung des rekombinanten Proteins von der Fusionseinheit nach der Reinigung des Fusionsproteins möglich ist. Diese Enzyme und ihre entsprechenden Erkennungssequenzen umfassen Faktor Xa, Thrombin und Entero-
10 erokinase.

Übliche Fusionsexpressionsvektoren umfassen pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B. und Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT 5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird. Bei einer Ausführungsform ist die codierende Sequenz des SES-Proteins in einen pGEX-Expressionsvektor kloniert, so daß ein Vektor erzeugt wird, der ein Fusionsprotein
20 codiert, umfassend vom N-Terminus zum C-Terminus: GST - Thrombin-Spaltstelle - X-Protein. Das Fusionsprotein kann durch Affinitätschromatographie mittels Glutathion-Agarose-Harz gereinigt werden. Das rekombinante SES-Protein, das nicht mit GST fusioniert ist, kann durch Spaltung des Fusionsproteins mit Thrombin gewonnen werden.
25

Beispiele geeigneter induzierbarer Nicht-Fusions-*E.-coli*-Expressionsvektoren umfassen pTrc (Amann et al., (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al. Gene Expression
30 Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression aus dem pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem
35 T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL 21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten λ -Prophagen geliefert, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors
40 birgt.

Eine Strategie zur Maximierung der Expression des rekombinanten Proteins ist die Expression des Proteins in einem Wirtsbakterium, dessen Fähigkeit zur proteolytischen Spaltung des rekombinanten
45 Proteins gestört ist (Gottesman, S. Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 119-128). Eine weitere Strategie ist die Veränderung der

Nukleinsäuresequenz der in einen Expressionsvektor zu inserierenden Nukleinsäure, so daß die einzelnen Codons für jede Aminosäure diejenigen sind, die vorzugsweise in einem zur Expression ausgewählten Bakterium, wie *C. glutamicum*, verwendet werden (Wada et al. (1992) *Nucleic Acids Res.* 20:2111-2118). Diese Veränderung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen kann durch Standard-DNA-Synthesetechniken erfolgen.

Bei einer weiteren Ausführungsform ist der SES-Protein-Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYepSec1 (Baldari et al., (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) *Cell* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of Fungi*, J.F. Peberdy et al., Hrsg., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge.

Alternativ können die erfindungsgemäßen SES-Proteine in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (bspw. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al., (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

In einer weiteren Ausführungsform können die erfindungsgemäßen SES-Proteine in Zellen einzelliger Pflanzen (wie Algen) oder in Pflanzenzellen höherer Pflanzen (bspw. Spermatophyten, wie Feldfrüchte) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J. und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", *Nucl. Acids Res.* 12:8711-8721.

In einer weiteren Ausführungsform wird eine erfindungsgemäße Nukleinsäure in Säugetierzellen mit einem Säugetier-Expressionsvektor exprimiert. Beispiele für Säugetier-Expressionsvektoren umfassen pCDM8 (Seed, B. (1987) *Nature* 329:840) und pMT2PC (Kaufman et al. (1987) *EMBO J.* 6:187-195). Bei der Verwendung in Säugetierzellen werden die Kontrollfunktionen des Expressionsvektors

- oft von viralen regulatorischen Elementen bereitgestellt. Gemeinhin verwendete Promotoren stammen bspw. aus Polyoma, Adenovirus 2, Cytomegalievirus und Simian Virus 40. Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen
- 5 siehe in Kapitel 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F. und Maniatis, T., Molecular cloning: A Laboratory Manual, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.
- 10 Bei einer weiteren Ausführungsform kann der rekombinante Säugetier-Expressionsvektor die Expression der Nukleinsäure vorzugsweise in einem bestimmten Zelltyp bewirken (bspw. werden gewebespezifische regulatorische Elemente zur Expression der Nukleinsäure verwendet). Gewebespezifische regulatorische Elemente sind
- 15 im Fachgebiet bekannt. Nicht-einschränkende Beispiele für geeignete gewebespezifische Promotoren umfassen den Albuminpromotor (leberspezifisch; Pinkert et al. (1987) Genes Dev. 1:268-277), lymphoid-spezifische Promotoren (Calame und Eaton (1988) Adv. Immunol. 43:235-275), insbesondere Promotoren von T-Zellrezeptoren
- 20 (Winoto und Baltimore (1989) EMBO J. 8:729-733) und Immunglobulinen (Banerji et al. (1983) Cell 33:729-740; Queen und Baltimore (1983) Cell 33:741-748), neuronenspezifische Promotoren (bspw. der Neurofilament-Promotor; Byrne und Ruddle (1989) PNAS 86:5473-5477), pankreasspezifische Promotoren (Edlund et al.,
- 25 (1985) Science 230:912-916) und milchdrüsenspezifische Promotoren (bspw. Milchserum-Promotor; US-Patent Nr. 4 873 316 und europäische Patentanmeldungsveröffentlichung Nr. 264 166). Entwicklungsregulierte Promotoren sind ebenfalls umfaßt, bspw. die Maus-hox-Promotoren (Kessel und Gruss (1990) Science 249:374-379) und der
- 30 α -Fetoprotein-Promotor (Campes und Tilghman (1989) Genes Dev. 3:537-546).

- Die Erfindung stellt zudem einen rekombinanten Expressionsvektor bereit, umfassend ein erfindungsgemäßes DNA Molekül, das in Anti-
- 35 sense-Richtung in den Expressionsvektor kloniert ist. D.h. daß das DNA-Molekül derart mit einer regulatorischen Sequenz funktionsfähig verbunden ist, daß die Expression (durch Transkription des DNA-Moleküls) eines RNA-Moleküls, das zur SES-mRNA antisense ist, möglich wird. Es können regulatorische Sequenzen ausgewählt
- 40 werden, die funktionsfähig an eine in Antisense-Richtung klonierte Nukleinsäure gebunden sind und die kontinuierliche Expression des Antisense-RNA-Moleküls in einer Vielzahl von Zelltypen steuern, bspw. können virale Promotoren und/oder Enhancer oder regulatorische Sequenzen ausgewählt werden, die die konstitutive,
- 45 gewebespezifische oder zelltypspezifische Expression von Antisense-RNA steuern. Der Antisense-Expressionsvektor kann in Form eines rekombinanten Plasmids, Phagemids oder attenuierten Virus

vorliegen, in dem Antisense-Nukleinsäuren unter der Kontrolle eines hochwirksamen regulatorischen Bereichs produziert werden, dessen Aktivität durch den Zelltyp bestimmt wird, in den der Vektor eingebracht wird. Für eine Diskussion der Regulation der Genexpression mittels Antisense-Genen siehe Weintraub, H. et al., Antisense-RNA as a molecular tool for genetic analysis, Reviews - Trends in Genetics, Bd. 1(1) (1986).

Ein weiterer Aspekt der Erfindung betrifft Wirtszellen, in die ein erfindungsgemäßer rekombinanter Expressionsvektor eingebracht worden ist. Die Begriffe "Wirtszelle" und "rekombinante Wirtszelle" werden hier untereinander austauschbar verwendet. Es ist selbstverständlich, daß diese Begriffe nicht nur eine bestimmte Zielzelle, sondern auch die Nachkommen oder potentiellen Nachkommen dieser Zelle betreffen. Da in aufeinanderfolgenden Generationen aufgrund von Mutation oder Umwelteinflüssen bestimmte Modifikationen auftreten können, sind diese Nachkommen nicht unbedingt mit der Parentalzelle identisch, sind jedoch im Umfang des Begriffs, wie er hier verwendet wird, noch umfaßt.

Eine Wirtszelle kann eine prokaryotische oder eukaryotische Zelle sein. Bspw. kann ein SES-Protein in Bakterienzellen, wie *C. glutamicum*, Insektenzellen, Hefe- oder Säugetierzellen (wie Ovarzellen des chinesischen Hamsters (CHO) oder COS-Zellen) exprimiert werden. Andere geeignete Wirtszellen sind dem Fachmann geläufig. Mikroorganismen, die mit *Corynebacterium glutamicum* verwandt sind und sich geeignet als Wirtszellen für die erfindungsgemäßen Nukleinsäure- und Proteinmoleküle verwenden lassen, sind in Tabelle 3 aufgeführt.

Durch herkömmliche Transformations- oder Transfektionsverfahren läßt sich Vektor-DNA in prokaryotische oder eukaryotische Zellen einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", "Konjugation" und "Transduktion", wie sie hier verwendet werden, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (bspw. DNA) in eine Wirtszelle umfassen, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Coprazipitation, DEAE-Dextran-vermittelter Transfektion, Lipofektion, natürlicher Kompetenz, chemisch vermittelter Übertragung oder Elektroporation. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen lassen sich nachlesen in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern.

Es ist bekannt, daß für die stabile Transfektion von Säugetierzellen je nach dem verwendeten Expressionsvektor und der verwendeten Transfektionstechnik nur ein kleiner Teil der Zellen die fremde DNA in ihr Genom integrieren kann. Zur Identifizierung und Selektion dieser Integranten wird gewöhnlich ein Gen, das einen selektierbaren Marker (z.B. Resistenz gegen Antibiotika) codiert, zusammen mit dem Gen von Interesse in die Wirtszellen eingebracht. Bevorzugte selektierbare Marker umfassen solche, die die Resistenz gegen Medikamente, wie G418, Hygromycin und Methotrexat, verleihen. Eine Nukleinsäure, die einen selektierbaren Marker codiert, kann in eine Wirtszelle auf dem gleichen Vektor eingebracht werden, wie derjenige, der ein SES-Protein codiert, oder kann auf einem gesonderten Vektor eingebracht werden. Zellen, die mit der eingebrachten Nukleinsäure stabil transfiziert worden sind, können bspw. durch Medikamentenselektion identifiziert werden (z.B. überleben Zellen, die den selektierbaren Marker integriert haben, wohingegen die anderen Zellen sterben).

Zur Erzeugung eines homolog rekombinierten Mikroorganismus wird ein Vektor hergestellt, der zumindest einen Abschnitt eines SES-Gens enthält, in den eine Deletion, Addition oder Substitution eingebracht worden ist, um das SES-Gen zu verändern, bspw. funktionell zu disrumpieren. Dieses SES-Gen ist vorzugsweise ein *Corynebacterium glutamicum*-SES-Gen, jedoch kann ein Homologon von einem verwandten Bakterium oder sogar aus einer Säugetier-, Hefe- oder Insektenquelle verwendet werden. Bei einer bevorzugten Ausführungsform ist der Vektor derart ausgestaltet, daß das endogene SES-Gen bei homologer Rekombination funktionell disrumpiert ist (d.h. nicht länger ein funktionelles Protein codiert; auch als "Knockout"-Vektor bezeichnet). Der Vektor kann alternativ derart ausgestaltet sein, daß das endogene SES-Gen bei homologer Rekombination mutiert oder anderweitig verändert ist, jedoch noch das funktionelle Protein codiert (z.B. kann der stromaufwärts gelegene regulatorische Bereich derart verändert sein, daß dadurch die Expression des endogenen SES-Proteins verändert wird.). Der veränderte Abschnitt des SES-Gens ist im homologen Rekombinationsvektor an seinem 5'- und 3'-Ende von zusätzlicher Nukleinsäure des SES-Gens flankiert, die eine homologe Rekombination zwischen dem exogenen SES-Gen, das von dem Vektor getragen wird, und einem endogenen SES-Gen in einem Mikroorganismus ermöglicht. Die zusätzliche flankierende SES-Nukleinsäure ist für eine erfolgreiche homologe Rekombination mit dem endogenen Gen hinreichend lang. Gewöhnlich enthält der Vektor mehrere Kilobasen flankierende DNA (sowohl am 5'- als auch am 3'-Ende) (siehe z.B. Thomas, K.R. und Capecchi, M.R. (1987) Cell 51:503 für eine Beschreibung von homologen Rekombinationsvektoren). Der Vektor wird in einen Mikroorganismus (z.B. durch Elektroporation) eingebracht, und Zellen, in

denen das eingebrachte SES-Gen mit dem endogenen SES-Gen homolog rekombiniert ist, werden unter Verwendung im Fachgebiet bekannter Verfahren selektiert.

- 5 Bei einer anderen Ausführungsform können rekombinante Mikroorganismen produziert werden, die ausgewählte Systeme enthalten, die eine regulierte Expression des eingebrachten Gens ermöglichen. Der Einschluß eines SES-Gens in einen Vektor, wodurch es unter die Kontrolle des Lac-Operons gebracht wird, ermöglicht z.B. die
- 10 Expression des SES-Gens nur in Gegenwart von IPTG. Diese regulatorischen Systeme sind im Fachgebiet bekannt.

- Eine erfindungsgemäße Wirtszelle, wie eine prokaryotische oder eukaryotische Wirtszelle in Kultur, kann zur Produktion (d.h. Ex-
- 15 pression) eines SES-Proteins verwendet werden. Die Erfindung stellt zudem Verfahren zur Produktion von SES-Proteinen unter Verwendung der erfindungsgemäßen Wirtszellen bereit. Bei einer Ausführungsform umfaßt das Verfahren die Anzucht der erfindungsgemäßen Wirtszelle (in die ein rekombinanter Expressionsvektor,
- 20 der ein SES-Protein codiert, eingebracht worden ist, oder in deren Genom ein Gen eingebracht worden ist, das ein Wildtyp- oder verändertes SES-Protein codiert) in einem geeigneten Medium, bis das SES-Protein produziert worden ist. Das Verfahren umfaßt in einer weiteren Ausführungsform das Isolieren der SES-Proteine aus
- 25 dem Medium oder der Wirtszelle.

C. Erfindungsgemäße Verwendungen und Verfahren

- Die hier beschriebenen Nukleinsäuremoleküle, Proteine, Proteinho-
- 30 mologa, Fusionsproteine, Primer, Vektoren und Wirtszellen können in einem oder mehreren nachstehenden Verfahren verwendet werden: Identifikation von *C. glutamicum* und verwandten Organismen, Kartierung von Genomen von Organismen, die mit *C. glutamicum* verwandt sind, Identifikation und Lokalisation von *C. glutamicum*-Se-
- 35 quenzen von Interesse, Evolutionsstudien, Bestimmung von SES-Proteinbereichen, die für die Funktion notwendig sind, Modulation der Aktivität eines SES-Proteins; Modulation des Stoffwechsels einer oder mehrerer Zellmembrankomponenten; Modulation des Transmembrantransports einer oder mehrerer Verbindungen und Modulation
- 40 der zellulären Produktion einer gewünschten Verbindung, wie einer Feinchemikalie. Die erfindungsgemäßen SES-Nukleinsäuremoleküle haben eine Vielzahl von Verwendungen. Sie können zunächst zur Identifikation eines Organismus als *Corynebacterium glutamicum* oder naher Verwandter davon verwendet werden. Sie können zudem
- 45 zur Identifikation des Vorliegens von *C. glutamicum* oder eines Verwandten davon in einer Mischpopulation von Mikroorganismen verwendet werden. Die Erfindung stellt die Nukleinsäuresequenzen

einer Reihe von *C. glutamicum*-Genen bereit. Durch Sondieren der extrahierten genomischen DNA einer Kultur einer einheitlichen oder gemischten Population von Mikroorganismen unter stringenten Bedingungen mit einer Sonde, die einen Bereich eines *C. glutamicum*-Gens überspannt, das für diesen Organismus einzigartig ist, kann man bestimmen, ob dieser Organismus zugegen ist. *Corynebacterium glutamicum* selbst ist zwar nicht pathogen, jedoch ist es mit pathogenen Arten, wie *Corynebacterium diphtheriae*, verwandt. Der Nachweis eines solchen Organismus ist von signifikanter klinischer Bedeutung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure- und Proteinmoleküle können ferner als marker für bestimmte Bereiche des Genoms dienen. Dies eignet sich nicht nur zum Kartieren des Genoms, sondern auch für funktionelle Studien von *C. glutamicum*-Proteinen. Zur Identifikation des Genombereichs, an den ein bestimmtes *C. glutamicum*-DNA-bindendes Protein bindet, kann das *C. glutamicum*-Genom bspw. gespalten und die Fragmente mit dem DNA-bindenden Protein inkubiert werden. Diejenigen, die das Protein binden, können zusätzlich mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuremolekülen, vorzugsweise mit leicht nachweisbaren Markierungen, sondiert werden; die Bindung eines solchen Nukleinsäuremoleküls an das Genomfragment ermöglicht die Lokalisation des Fragmentes auf der genomischen Karte von *C. glutamicum*, und wenn dies mehrmals mit unterschiedlichen Enzymen durchgeführt wird, erleichtert es eine rasche Bestimmung der Nukleinsäuresequenz, an die das Protein bindet. Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle können zudem hinreichend homolog zu den Sequenzen verwandter Arten sein, so daß diese Nukleinsäuremoleküle als Marker zur Konstruktion einer genomischen Karte in verwandten Bakterien (z.B. *Brevibacterium lactofermentum*) dienen können.

Die erfindungsgemäßen SES-Nukleinsäuremoleküle eignen sich ebenfalls für Evolutions- und Proteinstruktur-Untersuchungen. Die Stoffwechsel- und Transportprozesse, an denen die erfindungsgemäßen Moleküle beteiligt sind, werden von einer Vielzahl von prokaryotischen und eukaryotischen Zellen ausgenutzt; durch Vergleich der Sequenzen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküle mit solchen, die ähnliche Enzyme aus anderen Organismen codieren, kann der Evolutions-Verwandschaftsgrad der Organismen bestimmt werden. Entsprechend ermöglicht ein solcher Vergleich die Bestimmung, welche Sequenzbereiche konserviert sind und welche nicht, was bei der Bestimmung solcher Bereiche des Proteins hilfreich sein kann, die für die Enzymfunktion essentiell sind. Dieser Typ der Bestimmung ist für Proteintechnologie-Untersuchungen wertvoll und kann

einen Hinweis darauf geben, wieviel Mutagenese das Protein tolerieren kann ohne die Funktion zu verlieren.

Die Manipulation der erfindungsgemäßen SES-Nukleinsäuremoleküle
5 kann die Produktion von SES-Proteinen mit funktionellen Unterschieden zu den Wildtyp-SES-Proteinen bewirken. Diese Proteine können hinsichtlich ihrer Effizienz oder Aktivität verbessert werden, können in größerer Anzahl als gewöhnlich in der Zelle zugegen sein oder können hinsichtlich ihrer Effizienz oder Aktivität
10 geschwächt sein.

Diese Modulation der Aktivität von Proteinen, die an der DNA-Reparatur, Rekombination oder Transposition in *C. glutamicum* beteiligt sind, sollte die genetische Stabilität der Zelle beeinflussen.
15 Beispielsweise kann man durch Verringern der Anzahl oder Aktivität von Proteinen, die an DNA-Reparaturmechanismen beteiligt sind, die Fähigkeit der Zelle, genetische Fehler zu korrigieren, verringern, was das einfachere Einbringen gewünschter Mutationen in das Genom (wie solchen, die an der Feinchemikalienproduktion
20 beteiligte Proteine codieren) ermöglichen sollte. Die Steigerung der Aktivität oder Anzahl von Transposons sollte ebenso zu einer erhöhten Mutationsrate im Genom führen und kann die leichte Verdopplung gewünschter Gene (bspw. solcher, die an der Feinchemikalienproduktion beteiligte Proteine codieren) oder Disruption unerwünschter Gene (z.B. solcher, die Feinchemikalien-Abbauproteine
25 codieren) möglich machen. Dagegen kann es durch Verringern der Anzahl oder Aktivität von Transposons oder Erhöhen der Anzahl oder Aktivität von DNA-Reparaturproteinen möglich sein, die genetische Stabilität von *C. glutamicum* zu erhöhen, was wiederum zur
30 besseren Aufrechterhaltung eingebrachter Mutationen in diesen Mikroorganismen durch mehrere Generationen in Kultur führen sollte. Idealerweise wird während der Mutagenese und Stammkonstruktion die Aktivität eines oder mehrerer DNA-Reparatursysteme verringert und die Aktivität eines oder mehrerer Transposons erhöht, aber
35 wenn die gewünschte Mutation in dem Stamm erzielt worden ist, tritt das Gegenteil auf. Diese Manipulation ist möglich, indem ein oder mehrere DNA-Reparaturgene oder Transposons unter die Kontrolle eines induzierbaren Repressors gestellt wird/werden.

40 Die Modulation von an der Transkription und Translation in *C. glutamicum* beteiligten Proteinen kann direkte und indirekte Wirkungen auf die Produktion einer Feinchemikalien von diesen Mikroorganismen haben. Beispielsweise ist es durch Manipulation eines Proteins, das direkt ein Gen translatiert (z.B. einer Polymerase)
45 oder direkt die Transkription reguliert (eines Repressor- oder Aktivatorproteins) möglich, die Expression des Zielgens direkt zu beeinflussen. Bei Genen, die ein Protein codieren, das an der

Biosynthese oder am Abbau einer Feinchemikalie beteiligt ist sollte dieser Typ der genetischen Manipulation eine direkte Wirkung auf die Produktion dieser Feinchemikalie haben. Die Mutagenese eines Repressorproteins, so daß es sein Zielgen nicht länger reprimieren kann, oder die Mutagenese eines Aktivatorproteins, so daß seine Aktivität optimiert wird, sollte zu einer erhöhten Transkription des Zielgens führen. Ist das Zielgen z.B. ein Feinchemikalienbiosynthesegen, kann eine erhöhte Produktion dieser Chemikalie aufgrund der insgesamt größeren Anzahl an für vorliegenden Transkripten dieses Gens resultieren, was ebenfalls zu einer vergrößerten Anzahl des Proteins führen sollte. Die Erhöhung der Anzahl oder Aktivität eines Repressorproteins für eine Zielsequenz oder die Verringerung der Anzahl oder Aktivität eines Aktivatorproteins für eine Zielsequenz sollte, wenn diese Sequenz bspw. ein Feinchemikalien-Abbauprotein ist, zu einer ähnlichen Steigerung der Produktion der Feinchemikalie führen.

Auch indirekte Wirkungen auf die Feinchemikalienproduktion können aus der Manipulation von Proteinen, die an der Transkription und Translation beteiligt sind, hervorgehen. Durch die Modulation der Aktivität oder Anzahl von Transkriptionsfaktoren (z.B. der Sigma-Faktoren) oder von Translationsrepressoren/-aktivatoren, die die Transkription in *C. glutamicum* in Reaktion auf Umwelt- oder Stoffwechselfaktoren global regulieren, sollte es möglich sein, die zelluläre Transkription von der Umwelt- oder Stoffwechselregulation abzukoppeln. Dies könnte wiederum eine kontinuierliche Transkription unter Bedingungen ermöglichen, die gewöhnlich die Genexpression verlangsamen oder beenden würden, wie ungünstigen Bedingungen (z.B. hohe Temperatur, niedriger Sauerstoffgehalt, hoher Spiegel an Abfallprodukten), die in einer Fermenterkultur im Großmaßstab vorliegen. Durch Erhöhen der Rate der Expression des Gens (z.B. Feinchemikalienbiosynthesegens) in diesen Situationen kann auch, zumindest aufgrund der vergleichsweise größeren Anzahl der Feinchemikalienbiosyntheseproteine in der Zelle, die Gesamtrate der Feinproduktproduktion erhöht werden. Prinzipien und Beispiele für die Modifikation der Transkriptions- und Translationsregulation sind beschrieben in z.B. Lewin, B. (1990) Genes IV, Teil 3: "Controlling procaryotic genes by transcription", Oxford Univ. Press: Oxford, S. 213-301.

Die Modulation der Aktivität oder Anzahl von Proteinen, die an der Polypeptidfaltung beteiligt sind (z.B. Chaperone) kann insgesamt die Erhöhung der Produktion korrekt gefalteter Moleküle in der Zelle ermöglichen. Dies hat zwei Auswirkungen: zunächst insgesamt eine Erhöhung der Anzahl an Proteinen in der Zelle aufgrund der Tatsache, daß weniger Proteine falsch gefaltet und abgebaut werden und, zweitens, eine Erhöhung der Anzahl eines gege-

- benen Proteins, das korrekt gefaltet und somit aktiv ist (s. z.B. Thomas, J.G., Baneyx, F. (1997) Protein Expression and Purification 11(3):289-296; Luo, Z.H., und Hua, Z.C. (1998) Biochemistry and Molecular Biology International 46(3):471-477; Dale, G.E., et al. (1994) Protein Engineering 7(7):925-931; Amrein, K.E. et al. (1995) Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 92(4):1048-1052 und Caspers, P., et al. (1994) Cell. Mol. Biol. 40(5):635-644). Solche Mutationen führen zwar zu einer Erhöhung der Anzahl aktiver Proteine jeder Art, aber wenn sie mit zusätzlichen Mutationen, die die Aktivität oder Anzahl von z.B. einem Feinchemikalienbiosyntheseprotein erhöhen, gekoppelt werden, kann eine additive Wirkung auf die Menge an korrekt gefaltetem aktivem gewünschtem Protein erhalten werden.
- 15 Die Manipulation von Proteinen, die an der Sekretion von Polypeptiden aus *C. glutamicum* beteiligt sind, so daß ihre Aktivität oder Anzahl verbessert ist, kann die Sekretion einer proteinar-
tigen Feinchemikalie (z.B. eines Enzyms) aus diesem Mikroorganismus direkt verbessern. Es ist erheblich leichter, Feinchemikalien
20 zu ernten und zu reinigen, wenn sie in das Medium einer Kultur im Großmaßstab sezerniert werden als wenn sie in der Zelle zurückgehalten werden, so daß die Ausbeute und Produktion einer Feinchemikalie durch diese Veränderung des Sekretionssystems erhöht werden sollte. Die genetischen Manipulationen dieser Sekretionspro-
25 teine kann auch zu direkten Verbesserungen der Produktion einer oder mehrerer Feinchemikalien führen. Erstens kann die gesteigerte oder verringerte Aktivität eines oder mehrerer *C. glutamicum*-Sekretionssysteme (wie sie durch Mutagenese eines oder mehrerer SES-Proteine, die an diesen Wegen beteiligt sind, erzielt
30 wird) zu insgesamt erhöhten oder verringerten Sekretionsraten aus der Zelle führen. Viele dieser sezernierten Proteine haben Funktionen, die für die Zellebensfähigkeit wichtig sind (z.B. Zelloberflächenproteasen oder -Rezeptoren). Eine Änderung des Sekretionswegs, so daß diese Proteine leichter an ihren extrazellulären
35 Ort transportiert werden, kann die Gesamtlebensfähigkeit der Zelle erhöhen und somit zu höheren Zahlen an *C. glutamicum*-Zellen führen, die Feinchemikalien während eine Züchtung im Großmaßstab produzieren können. Zweitens spielen bestimmte bakterielle Sekretionssysteme (z.B. das sec-System) bekanntlich auch eine signifi-
40 kante Rolle bei dem Prozeß, durch den integrale Membranproteinen (z.B. Kanäle, Poren oder Transporter) in die Zellmembran inserieren. Wird die Aktivität eines oder mehrerer Sekretionswegproteine gesteigert, kann die Fähigkeit der Zelle, Feinchemikalien zu produzieren, aufgrund des Vorliegens erhöhten intrazellulärer Nähr-
45 stoffmengen oder verringerter Mengen an intrazellulären Abfallstoffen ebenfalls erhöht werden. Ist die Aktivität eines oder mehrerer dieser Sekretionswegproteine verringert, können nicht

genügend Nährstoffe zur Unterstützung der Überproduktion gewünschter Verbindungen vorhanden sein, oder Abfallprodukte können diese Biosynthese stören.

- 5 Diese vorstehend genannten Mutagenese-strategien für SES-Proteine, die erhöhte Ausbeuten einer Feinchemikalie aus *C. glutamicum* bewirken sollen, sollen nicht einschränkend sein; Variationen dieser Mutagenese-strategien sind dem Fachmann leicht ersichtlich. Unter Verwendung dieser Strategien und einschließlich der hier
- 10 offenbarten Mechanismen können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure- und Proteinmoleküle verwendet werden, um *C. glutamicum*- oder verwandte Bakterienstämme, die mutierte SES-Nukleinsäure- und Proteinmoleküle exprimieren, zu erzeugen, so daß die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer ge-
- 15 wünschten Verbindung verbessert wird. Die gewünschte Verbindung kann jedes von *C. glutamicum* hergestellte Produkt sein, einschließlich der Endprodukte von Biosynthesewegen und Zwischenprodukte natürlich vorkommender Stoffwechselwege sowie Moleküle, die im Metabolismus von *C. glutamicum* nicht natürlich vorkommen, die
- 20 jedoch von einem erfindungsgemäßen *C. glutamicum*-Stamm produziert werden.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als einschränkend aufgefaßt werden

- 25 sollen. Die Inhalte sämtlicher, in dieser Patentanmeldung zitierter Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichter Patentanmeldungen sind hiermit durch Bezugnahme aufgenommen.

30 Beispiele

Beispiel 1: Präparation der gesamten genomischen DNA aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032

- 35 Eine Kultur von *Corynebacterium glutamicum* (ATCC 13032) wurde über Nacht bei 30°C unter starkem Schütteln in BHI-Medium (Difco) gezüchtet. Die Zellen wurden durch Zentrifugation geerntet, der Überstand wurde verworfen, und die Zellen wurden in 5ml Puffer I (5% des Ursprungsvolumens der Kultur - sämtliche angegebenen Vo-
- 40 lumina sind für 100 ml Kulturvolumen berechnet) resuspendiert. Zusammensetzung von Puffer I: 140,34 g/l Saccharose, 2,46 g/l $\text{MgSO}_4 \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$, 10 ml/l KH_2PO_4 -Lösung (100g/l, mit KOH auf pH-Wert 6,7 eingestellt), 50 ml/l M12-Konzentrat (10 g/l $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, 1 g/l NaCl, 2 g/l $\text{MgSO}_4 \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$, 0,2 g/l CaCl_2 , 0,5 g/l Hefe-Extrakt
- 45 (Difco), 10 ml/l Spurenelemente-Mischung (200 mg/l $\text{FeSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$, 10 mg/l $\text{ZnSO}_4 \cdot 7 \text{H}_2\text{O}$, 3 mg/l $\text{MnCl}_2 \cdot 4 \text{H}_2\text{O}$, 30 mg/l H_3BO_3 , 20 mg/l $\text{CoCl}_2 \cdot 6 \text{H}_2\text{O}$, 1 mg/l $\text{NiCl}_2 \cdot 6 \text{H}_2\text{O}$, 3 mg/l $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \cdot 2 \text{H}_2\text{O}$, 500 mg/l

Komplexbildner (EDTA oder Citronensäure), 100 ml/l Vitamingemisch (0,2 ml/l Biotin, 0,2 mg/l Folsäure, 20 mg/l p-Aminobenzoessäure, 20 mg/l Riboflavin, 40 mg/l Ca-Panthothenat, 140 mg/l Nikotinsäure, 40 mg/l Pyridoxolhydrochlorid, 200 mg/l Myo-Inositol). Lysozym wurde in einer Endkonzentration von 2,5 mg/ml zur Suspension gegeben. Nach etwa 4 Std. Inkubation bei 37°C wurde die Zellwand abgebaut, und die erhaltenen Protoplasten wurden durch Zentrifugation geerntet. Das Pellet wurde einmal mit 5 ml Puffer I und einmal mit 5 ml TE-Puffer (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH-Wert 8) gewaschen. Das Pellet wurde in 4 ml TE-Puffer resuspendiert, und 0,5 ml SDS-Lösung (10%) und 0,5 ml NaCl-Lösung (5 M) wurden zugegeben. Nach Zugabe von Proteinase K in einer Endkonzentration von 200 µg/ml wurde die Suspension etwa 18 Std. bei 37°C inkubiert. Die DNA wurde durch Extraktion mit Phenol, Phenol-Chloroform-Isoamylalkohol und Chloroform-Isoamylalkohol mittels Standard-Verfahren gereinigt. Dann wurde die DNA durch Zugabe von 1/50 Volumen 3 M Natriumacetat und 2 Volumina Ethanol, anschließender Inkubation für 30 min bei -20°C und 30 min Zentrifugation bei 12000 U/min in einer Hochgeschwindigkeitszentrifuge mit einem SS34-Rotor (Sorvall) gefällt. Die DNA wurde in 1 ml TE-Puffer gelöst, der 20 µg/ml RNase A enthielt, und für mindestens 3 Std. bei 4°C gegen 1000 ml TE-Puffer dialysiert. Während dieser Zeit wurde der Puffer 3mal ausgetauscht. Zu Aliquots von 0,4 ml der dialysierten DNA-Lösung wurden 0,4 ml 2 M LiCl und 0,8 ml Ethanol zugegeben. Nach 30 min Inkubation bei -20°C wurde die DNA durch Zentrifugation gesammelt (13000 U/min, Biofuge Fresco, Heraeus, Hanau, Deutschland). Das DNA-Pellet wurde in TE-Puffer gelöst. Durch dieses Verfahren hergestellte DNA konnte für alle Zwecke verwendet werden, einschließlich Southern-Blotting oder zur Konstruktion genomischer Banken.

Beispiel 2: Konstruktion genomischer *Corynebacterium glutamicum* (ATCC13032)-Banken in *Escherichia coli*

Ausgehend von DNA, die wie in Beispiel 1 beschrieben hergestellt wurde, wurden gemäß bekannter und gut eingeführter Verfahren (siehe bspw. Sambrook, J. et al. (1989) "Molecular Cloning: A Laboratory Manual". Cold Spring Harbor Laboratory Press oder Ausubel, F.M. et al. (1994) "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons) Cosmid- und Plasmid-Banken hergestellt.

Es ließ sich jedes Plasmid oder Cosmid einsetzen. Besondere Verwendung fanden die Plasmide pBR322 (Sutcliffe, J.G. (1979) Proc. Natl Acad. Sci. USA, 75:3737-3741); pACYC177 (Change & Cohen (1978) J. Bacteriol. 134:1141-1156); Plasmide der pBS-Reihe (pBSSK+, pBSSK- und andere; Stratagene, LaJolla, USA) oder Cosmide, wie SuperCos1 (Stratagene, LaJolla, USA) oder Lorist6

(Gibson, T.J. Rosenthal, A., und Waterson, R.H. (1987) Gene 53: 283-286.

Beispiel 3: DNA-Sequenzierung und Computer-Funktionsanalyse

5

Genomische Banken, wie in Beispiel 2 beschrieben, wurden zur DNA-Sequenzierung gemäß Standard-Verfahren, insbesondere dem Kettenabbruchverfahren mit ABI377-Sequenziermaschinen (s. z.B. Fleischman, R.D. et al. (1995) "Whole-genome Random Sequencing and
10 Assembly of Haemophilus Influenzae Rd., Science 269:496-512) verwendet. Die Sequenzierprimer mit den folgenden Nukleotidsequenzen wurden verwendet: 5'-GGAAACAGTATGACCATG-3' oder 5'-GTAAAACGACGGCCAGT-3'.

15 Beispiel 4: In-vivo-Mutagenese

In vivo-Mutagenese von *Corynebacterium glutamicum* kann durchgeführt werden, indem eine Plasmid- (oder andere Vektor-) DNA durch *E.coli* oder andere Mikroorganismen (z.B. *Bacillus* spp. oder He-
20 fen, wie *Saccharomyces cerevisiae*) geschleust wird, die die Integrität ihrer genetischen Information nicht aufrechterhalten können. Übliche Mutatorstämme weisen Mutationen in den Genen für das DNA-Reparatursystem auf (z.B., mutHLS, mutD, mutT, usw., zum Vergleich siehe Rupp, W.D. (1996) DNA repair mechanisms, in: *Esche-
25 richia coli* and *Salmonella*, S. 2277-2294, ASM: Washington). Diese Stämme sind dem Fachmann bekannt. Die Verwendung dieser Stämme ist bspw. in Greener, A. und Callahan, M. (1994) Strategies 7:32-34 veranschaulicht.

30 Beispiel 5: DNA-Transfer zwischen *Escherichia coli* und *Corynebacterium glutamicum*

Mehrere *Corynebacterium*- und *Brevibacterium*-Arten enthalten endogene Plasmide (wie bspw. pHM1519 oder pBL1) die autonom replizieren (für einen Überblick siehe bspw. Martin, J.F. et al. (1987) *Biotechnology* 5:137-146). Shuttle-Vektoren für *Escherichia coli* und *Corynebacterium glutamicum* lassen sich leicht mittels Standard-Vektoren für *E. coli* konstruieren (Sambrook, J. et al., (1989), "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring
40 Harbor Laboratory Press oder Ausubel, F.M. et al. (1994) "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons), denen ein Replikationsursprung für und ein geeigneter Marker aus *Corynebacterium glutamicum* beigegeben wird. Solche Replikationsursprünge werden vorzugsweise von endogenen Plasmiden entnommen, die aus
45 *Corynebacterium*- und *Brevibacterium*-Arten isoliert worden sind. Besondere Verwendung als Transformationsmarker für diese Arten sind Gene für Kanamycin-Resistenz (wie solche, die vom Tn5- oder

Tn-903-Transposon stammen) oder für Chloramphenicol (Winnacker, E.L. (1987) "From Genes to Clones - Introduction to Gene Technology, VCH, Weinheim). Es gibt zahlreiche Beispiele in der Literatur für die Herstellung einer großen Vielzahl von Shuttle-Vektoren, die in *E. coli* und *C. glutamicum* replizieren und für verschiedene Zwecke verwendet werden können, einschließlich Gen-Überexpression (siehe bspw. Yoshihama, M. et al. (1985) J. Bacteriol. 162:591-597, Martin, J.F. et al., (1987) Biotechnology, 5:137-146 und Eikmanns, B.J. et al. (1992) Gene 102:93-98).

Mittels Standard-Verfahren ist es möglich, ein Gen von Interesse in einen der vorstehend beschriebenen Shuttle-Vektoren zu klonieren und solche Hybrid-Vektoren in *Corynebacterium glutamicum*-Stämme einzubringen. Die Transformation von *C. glutamicum* läßt sich durch Protoplastentransformation (Kastsumata, R. et al., (1984) J. Bacteriol. 159:306-311), Elektroporation (Liebl, E. et al., (1989) FEMS Microbiol. Letters, 53:399-303) und in Fällen, bei denen spezielle Vektoren verwendet werden, auch durch Konjugation erzielen (wie z.B. beschrieben in Schäfer, A., et (1990) J. Bacteriol. 172:1663-1666). Es ist ebenfalls möglich, die Shuttle-Vektoren für *C. glutamicum* auf *E. coli* zu übertragen, indem Plasmid-DNA aus *C. glutamicum* (mittels im Fachgebiet bekannter Standard-Verfahren) präpariert und in *E. coli* transformiert wird. Dieser Transformationsschritt kann mit Standard-Verfahren erfolgen, jedoch wird vorteilhafterweise ein *Mcr*-defizienter *E. coli*-Stamm verwendet, wie NM522 (Gough & Murray (1983) J. Mol. Biol. 166:1-19).

30 Beispiel 6: Bestimmung der Expression des mutanten Proteins

Die Beobachtungen der Aktivität eines mutierten Proteins in einer transformierten Wirtszelle beruhen auf der Tatsache, daß das mutante Protein auf ähnliche Weise und in ähnlicher Menge exprimiert wird wie das Wildtyp-Protein. Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Transkriptionsmenge des mutanten Gens (ein Anzeichen für die mRNA-Menge, die für die Translation des Genprodukts verfügbar ist) ist die Durchführung eines Northern-Blots (s. bspw. Ausubel et al., (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York), wobei ein Primer, der so ausgestaltet ist, daß er an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren (gewöhnlich radioaktiven oder chemilumineszierenden) Markierung versehen wird, so daß - wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix übertragen und mit dieser Sonde inkubiert wird - die Bindung und die Quantität der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge der mRNA für dieses Gen anzeigt. Diese Infor-

mation ist ein Hinweis auf das Ausmaß der Transkription des mutanten Gens. Gesamt-Zell-RNA läßt sich durch verschiedene Verfahren aus *Corynebacterium glutamicum* isolieren, die im Fachgebiet bekannt sind, wie in Bormann, E.R. et al., (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326 beschrieben.

Zur Bestimmung des Vorliegens oder der relativen Menge an Protein, das von dieser mRNA translatiert wird, können Standard-Techniken, wie Western-Blot, eingesetzt werden (s. bspw. Ausubel et al. (1988) "Current Protocols in Molecular Biology", Wiley, New York). Bei diesem Verfahren werden Gesamt-Zellproteine extrahiert, durch Gelelektrophorese aufgetrennt, auf eine Matrix, wie Nitrocellulose, übertragen und mit einer Sonde, wie einem Antikörper, die an das gewünschte Protein spezifisch bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer chemilumineszierenden oder colorimetrischen Markierung versehen, die sich leicht nachweisen läßt. Das Vorliegen und die beobachtete Menge an Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge des gesuchten Mutantenproteins in der Zelle an.

20

Beispiel 7: Wachstum von genetisch verändertem *Corynebacterium glutamicum* - Medien und Anzuchtbedingungen

Genetisch veränderte *Corynebakterien* werden in synthetischen oder natürlichen Wachstumsmedien gezüchtet. Eine Anzahl unterschiedlicher Wachstumsmedien für *Corynebakterien* sind bekannt und leicht erhältlich (Lieb et al. (1989) Appl. Microbiol. Biotechnol. 32:205-210; von der Osten et al. (1998) Biotechnology Letters 11:11-16; Patent DE 4 120 867; Liebl (1992) "The Genus *Corynebacterium*", in: The Prokaryotes, Bd. II, Balows, A., et al., Hrsg. Springer-Verlag). Diese Medien bestehen aus einer oder mehreren Kohlenstoffquellen, Stickstoffquellen, anorganischen Salzen, Vitaminen und Spurenelementen. Bevorzugte Kohlenstoffquellen sind Zucker, wie Mono-, Di- oder Polysaccharide. Sehr gute Kohlenstoffquellen sind bspw. Glucose, Fructose, Mannose, Galactose, Ribose, Sorbose, Ribulose, Lactose, Maltose, Saccharose, Raffinose, Stärke oder Cellulose. Man kann Zucker auch über komplexe Verbindungen, wie Melassen, oder andere Nebenprodukte der Zucker-Raffinierung zu den Medien geben. Es kann auch vorteilhaft sein, Gemische verschiedener Kohlenstoffquellen zuzugeben. Andere mögliche Kohlenstoffquellen sind Alkohole und organische Säuren, wie Methanol, Ethanol, Essigsäure oder Milchsäure. Stickstoffquellen sind gewöhnlich organische oder anorganische Stickstoffverbindungen oder Materialien, die diese Verbindungen enthalten. Beispielhafte Stickstoffquellen umfassen Ammoniak-Gas oder Ammoniumsalze, wie NH_4Cl oder $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, NH_4OH , Nitrate, Harnstoff, Aminosäuren oder komplexe Stickstoffquellen, wie Mais-

quellwasser, Sojamehl, Sojaprotein, Hefeextrakt, Fleischextrakt und andere.

Anorganische Salzverbindungen, die in den Medien enthalten sein können, umfassen die Chlorid-, Phosphor- oder Sulfatsalze von Calcium, Magnesium, Natrium, Kobalt, Molybdän, Kalium, Mangan, Zink, Kupfer und Eisen. Chelatbildner können zum Medium gegeben werden, um die Metallionen in Lösung zu halten. Besonders geeignete Chelatbildner umfassen Dihydroxyphenole, wie Catechol oder Protocatechuat, oder organische Säuren, wie Citronensäure. Die Medien enthalten üblicherweise auch andere Wachstumsfaktoren, wie Vitamine oder Wachstumsförderer, zu denen bspw. Biotin, Riboflavin, Thiamin, Folsäure, Nikotinsäure, Panthothenat und Pyridoxin gehören. Wachstumsfaktoren und Salze stammen häufig von komplexen Medienkomponenten, wie Hefeextrakt, Melassen, Maisquellwasser und dergleichen. Die genaue Zusammensetzung der Medienverbindungen hängt stark vom jeweiligen Experiment ab und wird für jeden spezifischen Fall individuell entschieden. Information über die Medienoptimierung ist erhältlich aus dem Lehrbuch "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Wachstumsmedien lassen sich auch von kommerziellen Anbietern beziehen, wie Standard 1 (Merck) oder BHI (Brain heart infusion, DIFCO) oder anderen.

Sämtliche Medienkomponenten werden, entweder durch Hitze (20 min bei 1,5 bar und 121°C) oder durch Sterilfiltration, sterilisiert. Die Komponenten können entweder zusammen oder nötigenfalls getrennt sterilisiert werden. Sämtliche Medienkomponenten können zu Beginn der Anzucht zugegen sein oder wahlfrei kontinuierlich oder chargenweise hinzugegeben werden.

Die Anzuchtbedingungen werden für jedes Experiment gesondert definiert. Die Temperatur sollte zwischen 15°C und 45°C liegen und kann während des Experimentes konstant gehalten oder verändert werden. Der pH-Wert des Mediums sollte im Bereich von 5 bis 8,5, vorzugsweise um 7,0 liegen, und kann durch Zugabe von Puffern zu den Medien aufrechterhalten werden. Ein beispielhafter Puffer für diesen Zweck ist ein Kaliumphosphatpuffer. Synthetische Puffer, wie MOPS, HEPES, ACES usw., können alternativ oder gleichzeitig verwendet werden. Der Anzucht-pH-Wert läßt sich während der Anzucht auch durch Zugabe von NaOH oder NH₄OH konstant halten. Werden komplexe Medienkomponenten, wie Hefe-Extrakt, verwendet, sinkt der Bedarf an zusätzlichen Puffern, da viele komplexe Verbindungen eine hohe Pufferkapazität aufweisen. Beim Einsatz eines

Fermenters für die Anzucht von Mikroorganismen kann der pH-Wert auch mit gasförmigem Ammoniak reguliert werden.

Die Inkubationsdauer liegt gewöhnlich in einem Bereich von mehreren Stunden bis zu mehreren Tagen. Diese Zeit wird so ausgewählt, daß sich die maximale Menge Produkt in der Brühe ansammelt. Die offenbarten Wachstumsexperimente können in einer Vielzahl von Behältern, wie Mikrotiterplatten, Glasröhrchen, Glaskolben oder Glas- oder Metallfermentern unterschiedlicher Größen durchgeführt werden. Zum Screening einer großen Anzahl von Klonen sollten die Mikroorganismen in Mikrotiterplatten, Glasröhrchen oder Schüttelkolben, entweder mit oder ohne Schikanen, gezüchtet werden. Vorzugsweise werden 100-ml-Schüttelkolben verwendet, die mit 10% (bezogen auf das Volumen) des erforderlichen Wachstumsmediums gefüllt sind. Die Kolben sollten auf einem Kreiselerschüttler (Amplitude 25 mm) mit einer Geschwindigkeit im Bereich von 100-300 U/min geschüttelt werden. Verdampfungsverluste können durch Aufrechterhalten einer feuchten Atmosphäre verringert werden; alternativ sollte für die Verdampfungsverluste eine mathematische Korrektur durchgeführt werden.

Werden genetisch modifizierte Klone untersucht, sollte auch ein unmodifizierter Kontrollklon oder ein Kontrollklon getestet werden, der das Basisplasmid ohne Insertion enthält. Das Medium wird auf eine OD₆₀₀ von 0,5 - 1,5 angeimpft, wobei Zellen verwendet werden, die auf Agarplatten, wie CM-Platten (10 g/l Glucose, 2,5 g/l NaCl, 2 g/l Harnstoff, 10 g/l Polypepton, 5 g/l Hefeextrakt, 5 g/l Fleischextrakt, 22 g/l Agar pH-Wert 6,8 mit 2 M NaOH), die bei 30°C inkubiert worden sind, gezüchtet wurden. Das Animpfen der Medien erfolgt entweder durch Einbringen einer Kochsalzlösung von *C. glutamicum*-Zellen von CM-Platten oder durch Zugabe einer flüssigen Vorkultur dieses Bakteriums.

Beispiel 8: In-vitro-Analyse der Funktion mutanter Proteine

Die Bestimmung der Aktivitäten und kinetischen Parameter von Enzymen ist im Fachgebiet gut bekannt. Experimente zur Bestimmung der Aktivität eines bestimmten veränderten Enzyms müssen an die spezifische Aktivität des Wildtypenzyms angepaßt werden, was innerhalb der Fähigkeiten des Fachmanns liegt. Überblicke über Enzyme im allgemeinen sowie spezifische Einzelheiten, die die Struktur, Kinetiken, Prinzipien, Verfahren, Anwendungen und Beispiele zur Bestimmung vieler Enzymaktivitäten betreffen, können bspw. in den nachstehenden Literaturstellen gefunden werden: Dixon, M., und Webb, E.C.: (1979) *Enzymes*, Longmans, London; Fersht (1985) *Enzyme Structure and Mechanism*, Freeman, New York; Walsh (1979) *Enzymatic Reaction Mechanisms*. Freeman, San Francisco;

- Price, N.C., Stevens, L. (1982) Fundamentals of Enzymology. Oxford Univ. Press: Oxford; Boyer, P.D: Hrsg. (1983) The Enzymes, 3. Aufl., Academic Press, New York; Bisswanger, H. (1994) Enzymkinetik, 2. Aufl. VCH, Weinheim (ISBN 3527300325); Bergmeyer, H.U., Bergmeyer, J., Graßl, M. Hrsg. (1983-1986) Methods of Enzymatic Analysis, 3. Aufl. Bd. I-XII, Verlag Chemie: Weinheim; und Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1987) Bd. A9, "Enzymes", VCH, Weinheim, S. 352-363.
- 10 Die Aktivität von Proteinen, die an DNA binden, kann durch viele gut eingeführte Verfahren gemessen werden, wie DNA-Banden-Shift-Assays (die auch als Gelretardations-Assays bezeichnet werden). Die Wirkung dieser Proteine auf die Expression anderer Moleküle kann mit Reporter-Gen-Assays (wie in Kolmar, H. et al., (1995)
- 15 EMBO J. 14:3895-3904 und den darin zitierten Literaturstellen beschrieben) gemessen werden. Reporter-Gen-Testsysteme sind wohl bekannt und für Anwendungen in pro- und eukaryotischen Zellen etabliert, wobei Enzyme, wie beta-Galactosidase, Grün-Fluoreszenz-Protein und mehrere andere verwendet werden.
- 20 Die Bestimmung der Aktivität von Membran-Transportproteinen kann gemäß Techniken, wie sie in Gennis, R.B. (1989) "Pores, Channels and Transporters", in Biomembranes, Molecular Structure and Function, Springer: Heidelberg, S. 85-137; 199-234; und 270-322 beschrieben sind, erfolgen.
- 25
- Beispiel 9: Analyse des Einflusses von mutiertem Protein auf die Produktion des gewünschten Produktes
- 30 Die Wirkung der genetischen Modifikation in *C. glutamicum* auf die Produktion einer gewünschten Verbindung (wie einer Aminosäure) kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten
- 35 bezüglich der erhöhten Produktion des gewünschten Produktes (d.h. einer Aminosäure) untersucht wird/werden. Solche Analysetechniken sind dem Fachmann wohl bekannt und umfassen Spektroskopie, Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (s. bspw. Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17; Rehm et al. (1993)
- 40 Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A. et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for Biotechnology,

- John Wiley and Sons; Kennedy, J.F. und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A. und Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, in Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

- Zusätzlich zur Messung des Fermentationsendproduktes ist es ebenfalls möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamt-Effizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (bspw. Zucker, Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion gemeinsamer Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P.M. Rhodes und P.F. Stanbury, Hrsg. IRL Press, S. 103-129; 131-163 und 165-192 (ISBN: 0199635773) und den darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

25 Beispiel 10: Reinigung des gewünschten Produktes aus *C. glutamicum*-Kultur

- Die Gewinnung des gewünschten Produktes aus *C. glutamicum*-Zellen oder aus dem Überstand der vorstehend beschriebenen Kultur kann durch verschiedene, im Fachgebiet bekannte Verfahren erfolgen. Wird das gewünschte Produkt von den Zellen nicht sezerniert, können die Zellen aus der Kultur durch langsame Zentrifugation geerntet werden, die Zellen können durch Standard-Techniken, wie mechanische Kraft oder Ultraschallbehandlung, lysiert werden. Die Zelltrümmer werden durch Zentrifugation entfernt, und die Überstandsfraktion, die die löslichen Proteine enthält, wird zur weiteren Reinigung der gewünschten Verbindung erhalten. Wird das Produkt von den *C. glutamicum*-Zellen sezerniert, werden die Zellen durch langsame Zentrifugation aus der Kultur entfernt, und die Überstandsfraktion wird zur weiteren Reinigung behalten.

- Die Überstandsfraktion aus beiden Reinigungsverfahren wird einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Molekül entweder auf dem Chromatographieharz zurückgehalten wird, viele Verunreinigungen in der Probe jedoch nicht, oder die Verunreinigungen auf dem Harz zurückbleiben, die Probe hingegen nicht. Diese Chromatographieschritte können nötigenfalls

wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl der geeigneten Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung für ein bestimmtes zu reinigendes Molekül bewandert. Das gerei-

5 nigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.

Im Fachgebiet sind viele Reinigungsverfahren bekannt, und das

10 vorhergehende Reinigungsverfahren soll nicht einschränkend sein. Diese Reinigungstechniken sind bspw. beschrieben in Bailey, J.E. & Ollis, D.F. Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986).

15 Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindungen kann durch Techniken des Standes der Technik bestimmt werden. Diese umfassen Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, NIRS, Enzymtest oder mikrobiologische Tests. Diese Analyseverfahren

20 sind zusammengefaßt in: Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140; Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11 27-32; und Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70. Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90, S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566,

25 575-581 und S. 581-587; Michal, G (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A. et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17.

30

Äquivalente

Der Fachmann erkennt oder kann - indem er lediglich Routineverfahren verwendet - viele Äquivalente der erfindungsgemäßen spezi-

35 fischen Ausführungsformen feststellen. Diese Äquivalente sollen von den nachstehenden Patentansprüchen umfaßt sein.

Die Angaben in Tabelle 1 sind folgendermassen zu verstehen:

40 In Spalte 1 "DNA-ID" bezieht sich die jeweilige Zahl auf die SEQ ID NO des anhängenden Sequenzprotokolls. Eine "5" in der Spalte "DNA-ID" bedeutet demzufolge ein Verweis auf SEQ ID NO:5.

In Spalte 2 "AS-ID" bezieht sich die jeweilige Zahl auf die SEQ ID

45 NO des anhängenden Sequenzprotokolls. Eine "6" in der Spalte "AS-ID" bedeutet demzufolge ein Verweis auf SEQ ID NO:6.

56

In Spalte 3 "Identifikation" wird eine eindeutige interne Bezeichnung für jede Sequenz aufgeführt.

In Spalte 4 "AS-POS" bezieht sich die jeweilige Zahl auf die Aminosäureposition der Polypeptidsequenz "AS-ID" in der gleichen Zeile. Eine "26" in der Spalte "AS-POS" bedeutet demzufolge die Aminosäureposition 26 der entsprechend angegebenen Polypeptidsequenz. Die Zählung der Position beginnt N-Terminal bei +1.

10 In Spalte 5 "AS-Wildtyp" bezeichnet der jeweilige Buchstabe die Aminosäure - dargestellt im Ein-Buchstaben-Code- an der in Spalte 4 angegebenen Position beim entsprechenden Wildtyp-Stamm.

15 In Spalte 6 "AS-Mutante" bezeichnet der jeweilige Buchstabe die Aminosäure - dargestellt im Ein-Buchstaben-Code- an der in Spalte 4 angegebenen Position beim entsprechenden Mutanten-Stamm.

In Spalte 7 "Funktion" wird die physiologische Funktion der entsprechenden Polypeptidsequenz aufgeführt.

20

Ein-Buchstaben-Code der proteinogenen Aminosäuren:

	A	Alanin
	C	Cystein
25	D	Aspartat
	E	Glutamat
	F	Phenylalanin
	G	Glycin
	H	His
30	I	Isoleucin
	K	Lysin
	L	Leucin
	M	Methionin
	N	Asparagin
35	P	Prolin
	Q	Glutamin
	R	Arginin
	S	Serin
	T	Threonin
40	V	Valin
	W	Tryptophan
	Y	Tyrosin

45

Tabelle 1

Gene die für genetische Stabilitäts-, Genexpressions- und Faltungsproteine codieren

DNA AS ID:	AS ID:	Identifikation:	AS Pos:	AS Wildtyp	AS Mutante	Funktion:
1	2	RXA00019	337	P	S	SINGLE-STRANDED-DNA-SPECIFIC EXONUCLEASE RECJ (EC 3.1.-.-)
			405	T	I	SINGLE-STRANDED-DNA-SPECIFIC EXONUCLEASE RECJ (EC 3.1.-.-)
			504	P	S	SINGLE-STRANDED-DNA-SPECIFIC EXONUCLEASE RECJ (EC 3.1.-.-)
3	4	RXA00061	754	S	N	DNA POLYMERASE I (EC 2.7.7.7)
5	6	RXA00209	414	V	A	GLUTAMYL-TRNA(GLN) AMIDOTRANSFERASE SUBUNIT A (EC 6.3.5.-)
			454	L	F	GLUTAMYL-TRNA(GLN) AMIDOTRANSFERASE SUBUNIT A (EC 6.3.5.-)
7	8	RXA00211	44	V	I	GLUTAMYL-TRNA(GLN) AMIDOTRANSFERASE SUBUNIT B (EC 6.3.5.-)
9	10	RXA00314	319	E	K	CYSTEINYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.16)
11	12	RXA00458	170	L	F	GLUTAMYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.17)
13	14	RXA00493	363	A	T	60 KD CHAPERONIN GROEL
15	16	RXA00588	23	A	V	TRANSCRIPTION ELONGATION FACTOR GRE A
17	18	RXA00669	68	A	T	TRNA PSEUDOURIDINE SYNTHASE A (EC 4.2.1.70)
19	20	RXA01061	686	P	S	LEUCYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.4)
21	22	RXA01277	704	G	S	PROLYL ENDOPEPTIDASE (EC 3.4.21.26)
23	24	RXA01278	543	T	I	Protein Translation Elongation Factor G (EF-G)
25	26	RXA01284	164	D	N	Bacterial Protein Translation Elongation Factor Tu (EF-Tu)

27	28	RXA01344	362	S	F	Bacterial Protein Translation Elongation Factor Tu (EF-Tu)
			5	P	L	DNA-DIRECTED RNA POLYMERASE BETA CHAIN (EC 2.7.7.6)
			429	D	V	DNA-DIRECTED RNA POLYMERASE BETA CHAIN (EC 2.7.7.6)
29	30	RXA01345	308	A	V	DNAK PROTEIN
31	32	RXA01404	108	T	I	TRANSCRIPTIONAL REPRESSOR
33	34	RXA01431	46	A	T	THIOREDOXIN
35	36	RXA01438	182	A	T	FERREDOXIN—NADP REDUCTASE (EC 1.18.1.2)
37	38	RXA01490	277	A	V	TRNA PSEUDOURIDINE SYNTHASE B (EC 4.2.1.70)
39	40	RXA01493	32	A	V	Na+ DRIVEN MULTIDRUG EFFLUX PUMP
41	42	RXA01559	400	T	A	PROTEIN TRANSLOCASE SUBUNIT SECD
43	44	RXA01596	334	R	C	DNA REPAIR PROTEIN RECN
			493	G	D	DNA REPAIR PROTEIN RECN
45	46	RXA01651	7	S	F	TRANSPOSASE
			33	L	F	TRANSPOSASE
47	48	RXA01710	69	P	S	TRANSCRIPTIONAL REGULATOR
49	50	RXA01852	120	P	S	HISTIDYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.21)
51	52	RXA01913	61	L	F	Protein Translation Elongation Factor Ts (EF-Ts)
53	54	RXA02145	321	P	L	MENAAQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE CYTOCHROME B SUBUNIT
55	56	RXA02236	87	L	F	integration host factor
57	58	RXA02267	65	A	T	DNA (CYTOSINE-5)-METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.1.37)
59	60	RXA02280	502	A	V	HEAT SHOCK PROTEIN HTPG
61	62	RXA02388	401	E	K	COME OPERON PROTEIN 3
			451	V	M	COME OPERON PROTEIN 3

63	64	RXA02416	484	G	D	EXCINUCLEASE ABC SUBUNIT A
65	66	RXA02418	45	V	I	Bacterial Protein Translation Initiation Factor 3 (IF-3)
67	68	RXA02429	670	M	I	PROTEIN TRANSLOCASE SUBUNIT SECA
69	70	RXA02431	73	A	V	DNA POLYMERASE IV
71	72	RXA02445	17	G	E	ATP-DEPENDENT DNA HELICASE RECG
73	74	RXA02476	167	S	F	A/G-SPECIFIC ADENINE GLYCOSYLASE (EC 3.2.2.-)
75	76	RXA02726	286	A	V	ISOLEUCYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.5)
77	78	RXA02731	374	E	K	EXCINUCLEASE ABC SUBUNIT B
			398	M	L	EXCINUCLEASE ABC SUBUNIT B
			410	R	L	EXCINUCLEASE ABC SUBUNIT B
79	80	RXA02736	312	S	F	PUTATIVE OXPPCYCLE PROTEIN OPCA
81	82	RXA02742	179	G	S	DNA/RNA HELICASE (DEAD/DEAH BOX FAMILY)
83	84	RXA02748	100	P	S	SIGNAL RECOGNITION PARTICLE, SUBUNIT FFH/SRP54
			164	G	D	SIGNAL RECOGNITION PARTICLE, SUBUNIT FFH/SRP54
85	86	RXA03070	249	A	V	TRANSPOSASE
87	88	RXA03098	164	S	N	DNA alkylation repair enzyme
89	90	RXA03206	98	G	D	D-Tyr-tRNA ^{Tyr} deacylase
91	92	RXA03260	56	S	F	TRANSPOSASE
93	94	RXA03394	11	S	F	METHIONYL-TRNA SYNTHETASE (EC 6.1.1.10)
95	96	RXA03674	342	V	I	ATP-DEPENDENT HELICASE HEPA
97	98	RXA03793	414	A	V	RNA POLYMERASE SIGMA FACTOR RPOD
99	100	RXA06048	3	L	F	PS1 PROTEIN PRECURSOR
			4	L	P	PS1 PROTEIN PRECURSOR

101	5	T	S	PS1 PROTEIN PRECURSOR
102	9	A	T	PS1 PROTEIN PRECURSOR
103	26	I	V	PS1 PROTEIN PRECURSOR
	31	S	T	PS1 PROTEIN PRECURSOR
	66	S	N	PS1 PROTEIN PRECURSOR
	158	N	D	PS1 PROTEIN PRECURSOR
	339	P	S	PROBABLE ATP-DEPENDENT HELICASE LHR (EC 3.6.1.-)
	239	P	L	EXODEOXYRIBONUCLEASE VII LARGE SUBUNIT (EC 3.1.11.6)

Patentansprüche

1. Isoliertes Nukleinsäuremolekül codierend für ein Polypeptid
5 mit der jeweils in Tabelle1/Spalte2 in Bezug genommenen Aminosäuresequenz wobei das Nukleinsäuremolekül in der in Tabelle1/Spalte4 angegebenen Aminosäureposition eine andere proteinogene Aminosäure codiert als die jeweilige in Tabelle1/Spalte5 in der gleichen Zeile angegebene Aminosäure.
10
2. Isoliertes Nukleinsäuremolekül nach Anspruch 1, wobei das Nukleinsäuremolekül in der in Tabelle1/Spalte4 angegebenen Aminosäureposition die in Tabelle1/Spalte6 in der gleichen Zeile angegebene Aminosäure codiert.
15
3. Ein Vektor, der wenigstens eine Nukleinsäuresequenz nach Anspruch 1 enthält.
20
4. Eine Wirtszelle, die mit wenigstens einem Vektor nach Anspruch 3 transfiziert ist.
25
5. Eine Wirtszelle nach Anspruch 4, wobei die Expression des besagten Nukleinsäuremoleküls zur Modulation der Produktion einer Feinchemikalie aus besagter Zelle führt.
30
6. Verfahren zur Herstellung einer Feinchemikalie welches die Kultivierung einer Zelle beinhaltet, die mit wenigstens einen Vektor nach Anspruch 3 transfiziert worden ist, so dass die Feinchemikalie produziert wird.
35
7. Verfahren nach Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß die Feinchemikalie eine Aminosäure ist.
8. Verfahren nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, dass die Aminosäure Lysin ist.

40

45

SEQUENCE LISTING

<110> BASF Aktiengesellschaft

<120> Gene die für genetische Stabilitäts-, Genexpressions-
und Faltungsproteine codieren

<130> O.Z. 0050/52974

<160> 104

<210> 1

<211> 1990

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1960)

<223> RXA00019

<400> 1

```

accggatacc ttatgaaaca cctggtgagc ggtgtgtttc accccaacaa ccgagtaaaa 60
tatatctagt actattttac gattgaaagt agatttttct atg acc gtt acc tca 115
                               Met Thr Val Thr Ser
                               1           5

cca gca gcg ctc gca ctc agc gac atg tcc tat gtg gac atc att aag 163
Pro Ala Ala Leu Ala Leu Ser Asp Met Ser Tyr Val Asp Ile Ile Lys
                10                15                20

aag aag cgc gga tgg aca acc gag ttt ttc cac agc acc atc aac acc 211
Lys Lys Arg Gly Trp Thr Thr Glu Phe Phe His Ser Thr Ile Asn Thr
                25                30                35

ggt gaa acc acc aca ccg cta cca gac agc gac cgt gcc aca gca cta 259
Gly Glu Thr Thr Thr Pro Leu Pro Asp Ser Asp Arg Ala Thr Ala Leu
                40                45                50

atc cat gac cac atc acc aag gct caa gag ata acc atc atc acc gac 307
Ile His Asp His Ile Thr Lys Ala Gln Glu Ile Thr Ile Ile Thr Asp
                55                60                65

ttt gat atg gac ggt att tca gcc ggt gtc att gcc tat gca ggt ctt 355
Phe Asp Met Asp Gly Ile Ser Ala Gly Val Ile Ala Tyr Ala Gly Leu
                70                75                80                85

gcc gaa ctg ggc gca cag gtc aat atg gtg gtg ccc gac tat cgt ggc 403
Ala Glu Leu Gly Ala Gln Val Asn Met Val Val Pro Asp Tyr Arg Gly
                90                95                100

gaa cga aat gtc aca gcc agc gat att gat cgt gcg cta gag ctc tac 451
Glu Arg Asn Val Thr Ala Ser Asp Ile Asp Arg Ala Leu Glu Leu Tyr
                105                110                115

cct gca acc tca ctc atc atc acc tgc gat gtc ggc atc ggc tcc cat 499
Pro Ala Thr Ser Leu Ile Ile Thr Cys Asp Val Gly Ile Gly Ser His
                120                125                130

```

gaa ggt att gcc cgt gct cac gaa cgc agt atc gcc gtc ctg gtc aca	547
Glu Gly Ile Ala Arg Ala His Glu Arg Ser Ile Ala Val Leu Val Thr	
135 140 145	
gat cac cac atg gag gtc gaa ccc tgc cag gcc gat gtg gtt ctt aac	595
Asp His His Met Glu Val Glu Pro Cys Gln Ala Asp Val Val Leu Asn	
150 155 160 165	
ccc aac aga att gac tct gac tac ccc aac aaa gat att tgc ggt gcg	643
Pro Asn Arg Ile Asp Ser Asp Tyr Pro Asn Lys Asp Ile Cys Gly Ala	
170 175 180	
cag gtc att ttc gcc aca ttg agt gac tat gca cgt cgt tat cgg gcg	691
Gln Val Ile Phe Ala Thr Leu Ser Asp Tyr Ala Arg Arg Tyr Arg Ala	
185 190 195	
gac aag att atc gac att aat ttg ttg gct gtt ttc tca ggc att ggt	739
Asp Lys Ile Ile Asp Ile Asn Leu Leu Ala Val Phe Ser Gly Ile Gly	
200 205 210	
gca ctc gcc gat gtc atg cct ctc acc cgt gac act cga cca aca gtg	787
Ala Leu Ala Asp Val Met Pro Leu Thr Arg Asp Thr Arg Pro Thr Val	
215 220 225	
aag cag gct att gcg ttg ctt cgg ctt gct atc cca caa gta agt aaa	835
Lys Gln Ala Ile Ala Leu Leu Arg Leu Ala Ile Pro Gln Val Ser Lys	
230 235 240 245	
aac cgt ttc ggc ggt tgg gat acc tat gct gca cgc tct gtt aat cct	883
Asn Arg Phe Gly Gly Trp Asp Thr Tyr Ala Ala Arg Ser Val Asn Pro	
250 255 260	
gat acg tcc aca ctc atg cat att gtc aat gcc agc cag cat gat cac	931
Asp Thr Ser Thr Leu Met His Ile Val Asn Ala Ser Gln His Asp His	
265 270 275	
cgc ttc att gca gcc ttc caa ggc atc tca att ctt ctt ggt gaa ctg	979
Arg Phe Ile Ala Ala Phe Gln Gly Ile Ser Ile Leu Leu Gly Glu Leu	
280 285 290	
att gcg caa aag aag cta gta aac atc gac aat att tct gag tca ttc	1027
Ile Ala Gln Lys Lys Leu Val Asn Ile Asp Asn Ile Ser Glu Ser Phe	
295 300 305	
att ggc ttc act ctt ggt ccg atg ttt aac gct act cgt cgt gtt ggt	1075
Ile Gly Phe Thr Leu Gly Pro Met Phe Asn Ala Thr Arg Arg Val Gly	
310 315 320 325	
ggc gac atg cac gat tca ttt ctc gtg ttt gcg ccc cat gcc gca cta	1123
Gly Asp Met His Asp Ser Phe Leu Val Phe Ala Pro His Ala Ala Leu	
330 335 340	
gca tca cag ccg tcg atg aat cca aat cga cat gct gcg atc tct cgc	1171
Ala Ser Gln Pro Ser Met Asn Pro Asn Arg His Ala Ala Ile Ser Arg	
345 350 355	
atc att gat aac aac gaa cgt cgc aaa gag ctc tcc aag tcc tct tat	1219
Ile Ile Asp Asn Asn Glu Arg Arg Lys Glu Leu Ser Lys Ser Ser Tyr	
360 365 370	
gct gcc gta cac agc tca gat cag ccc tac gcg ccc ttt gtg tgg ctc	1267
Ala Ala Val His Ser Ser Asp Gln Pro Tyr Ala Pro Phe Val Trp Leu	
375 380 385	

tct gag gca cca agc ggc att ctt ggt ctc att gcc tca cag ctc act	1315
Ser Glu Ala Pro Ser Gly Ile Leu Gly Leu Ile Ala Ser Gln Leu Thr	
390 395 400 405	
cgt gag tct gac gtg cct gcc att gtc att aat cca gat acc ttg tcc	1363
Arg Glu Ser Asp Val Pro Ala Ile Val Ile Asn Pro Asp Thr Leu Ser	
410 415 420	
ggg tca gct cgc tca cct gag tgg gca ccg atc atc acc caa gta aac	1411
Gly Ser Ala Arg Ser Pro Glu Trp Ala Pro Ile Ile Thr Gln Val Asn	
425 430 435	
acc ctc agc gca caa ggt cac ggc ggt att cat gct gca ggc cat gag	1459
Thr Leu Ser Ala Gln Gly His Gly Gly Ile His Ala Ala Gly His Glu	
440 445 450	
tac gcc tgt ggt atg cgt ttt gat aac cat gat gac att gtg acc ttt	1507
Tyr Ala Cys Gly Met Arg Phe Asp Asn His Asp Asp Ile Val Thr Phe	
455 460 465	
gtt gca aca ctc gac gca ctc gat aaa aac acg cca cgg gaa gca cag	1555
Val Ala Thr Leu Asp Ala Leu Asp Lys Asn Thr Pro Arg Glu Ala Gln	
470 475 480 485	
ccg gca gat ctg cat ttg gtt gac att gac cac gcg cgt cct gtg ctt	1603
Pro Ala Asp Leu His Leu Val Asp Ile Asp His Ala Arg Pro Val Leu	
490 495 500	
gat aac ccc tca ctc acc caa gag ctc agt acg gtc gat gct gca gtg	1651
Asp Asn Pro Ser Leu Thr Gln Glu Leu Ser Thr Val Asp Ala Ala Val	
505 510 515	
gat gct gca cag ttg ctt gtt ctc att gat cag ctt gat caa ctg cag	1699
Asp Ala Ala Gln Leu Leu Val Leu Ile Asp Gln Leu Asp Gln Leu Gln	
520 525 530	
cca ttt gga cat ggt ttt acc tat ccg cgc atc gac gtg acg ttc agg	1747
Pro Phe Gly His Gly Phe Thr Tyr Pro Arg Ile Asp Val Thr Phe Arg	
535 540 545	
ccg gca gaa aca gaa ttc aag gtt atg ggt cag cac cat caa cat ctc	1795
Pro Ala Glu Thr Glu Phe Lys Val Met Gly Gln His His Gln His Leu	
550 555 560 565	
aag gtg atc act cac tca ggg ttg acc tta ttg tgg tgg aat aag gct	1843
Lys Val Ile Thr His Ser Gly Leu Thr Leu Leu Trp Trp Asn Lys Ala	
570 575 580	
cag cag ctc gat gag atc gca cag tct gaa tta gtc acc atg tct gtg	1891
Gln Gln Leu Asp Glu Ile Ala Gln Ser Glu Leu Val Thr Met Ser Val	
585 590 595	
gag ctc gat gtc aat atg ttc cgt ggg ttt att tcc ccg caa ggc att	1939
Glu Leu Asp Val Asn Met Phe Arg Gly Phe Ile Ser Pro Gln Gly Ile	
600 605 610	
gtc tct gcg tgc aca gtt atc tagcttggtt gcataagcac caaaaacaac	1990
Val Ser Ala Cys Thr Val Ile	
615 620	

<210> 2

<211> 620

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 2

```

Met Thr Val Thr Ser Pro Ala Ala Leu Ala Leu Ser Asp Met Ser Tyr
 1              5              10              15

Val Asp Ile Ile Lys Lys Lys Arg Gly Trp Thr Thr Glu Phe Phe His
      20              25              30

Ser Thr Ile Asn Thr Gly Glu Thr Thr Thr Pro Leu Pro Asp Ser Asp
      35              40              45

Arg Ala Thr Ala Leu Ile His Asp His Ile Thr Lys Ala Gln Glu Ile
      50              55              60

Thr Ile Ile Thr Asp Phe Asp Met Asp Gly Ile Ser Ala Gly Val Ile
      65              70              75              80

Ala Tyr Ala Gly Leu Ala Glu Leu Gly Ala Gln Val Asn Met Val Val
      85              90              95

Pro Asp Tyr Arg Gly Glu Arg Asn Val Thr Ala Ser Asp Ile Asp Arg
      100             105             110

Ala Leu Glu Leu Tyr Pro Ala Thr Ser Leu Ile Ile Thr Cys Asp Val
      115             120             125

Gly Ile Gly Ser His Glu Gly Ile Ala Arg Ala His Glu Arg Ser Ile
      130             135             140

Ala Val Leu Val Thr Asp His His Met Glu Val Glu Pro Cys Gln Ala
      145             150             155             160

Asp Val Val Leu Asn Pro Asn Arg Ile Asp Ser Asp Tyr Pro Asn Lys
      165             170             175

Asp Ile Cys Gly Ala Gln Val Ile Phe Ala Thr Leu Ser Asp Tyr Ala
      180             185             190

Arg Arg Tyr Arg Ala Asp Lys Ile Ile Asp Ile Asn Leu Leu Ala Val
      195             200             205

Phe Ser Gly Ile Gly Ala Leu Ala Asp Val Met Pro Leu Thr Arg Asp
      210             215             220

Thr Arg Pro Thr Val Lys Gln Ala Ile Ala Leu Leu Arg Leu Ala Ile
      225             230             235             240

Pro Gln Val Ser Lys Asn Arg Phe Gly Gly Trp Asp Thr Tyr Ala Ala
      245             250             255

Arg Ser Val Asn Pro Asp Thr Ser Thr Leu Met His Ile Val Asn Ala
      260             265             270

Ser Gln His Asp His Arg Phe Ile Ala Ala Phe Gln Gly Ile Ser Ile
      275             280             285

Leu Leu Gly Glu Leu Ile Ala Gln Lys Lys Leu Val Asn Ile Asp Asn
      290             295             300

Ile Ser Glu Ser Phe Ile Gly Phe Thr Leu Gly Pro Met Phe Asn Ala
      305             310             315             320

```

Thr Arg Arg Val Gly Gly Asp Met His Asp Ser Phe Leu Val Phe Ala
 325 330 335
 Pro His Ala Ala Leu Ala Ser Gln Pro Ser Met Asn Pro Asn Arg His
 340 345 350
 Ala Ala Ile Ser Arg Ile Ile Asp Asn Asn Glu Arg Arg Lys Glu Leu
 355 360 365
 Ser Lys Ser Ser Tyr Ala Ala Val His Ser Ser Asp Gln Pro Tyr Ala
 370 375 380
 Pro Phe Val Trp Leu Ser Glu Ala Pro Ser Gly Ile Leu Gly Leu Ile
 385 390 395 400
 Ala Ser Gln Leu Thr Arg Glu Ser Asp Val Pro Ala Ile Val Ile Asn
 405 410 415
 Pro Asp Thr Leu Ser Gly Ser Ala Arg Ser Pro Glu Trp Ala Pro Ile
 420 425 430
 Ile Thr Gln Val Asn Thr Leu Ser Ala Gln Gly His Gly Gly Ile His
 435 440 445
 Ala Ala Gly His Glu Tyr Ala Cys Gly Met Arg Phe Asp Asn His Asp
 450 455 460
 Asp Ile Val Thr Phe Val Ala Thr Leu Asp Ala Leu Asp Lys Asn Thr
 465 470 475 480
 Pro Arg Glu Ala Gln Pro Ala Asp Leu His Leu Val Asp Ile Asp His
 485 490 495
 Ala Arg Pro Val Leu Asp Asn Pro Ser Leu Thr Gln Glu Leu Ser Thr
 500 505 510
 Val Asp Ala Ala Val Asp Ala Ala Gln Leu Leu Val Leu Ile Asp Gln
 515 520 525
 Leu Asp Gln Leu Gln Pro Phe Gly His Gly Phe Thr Tyr Pro Arg Ile
 530 535 540
 Asp Val Thr Phe Arg Pro Ala Glu Thr Glu Phe Lys Val Met Gly Gln
 545 550 555 560
 His His Gln His Leu Lys Val Ile Thr His Ser Gly Leu Thr Leu Leu
 565 570 575
 Trp Trp Asn Lys Ala Gln Gln Leu Asp Glu Ile Ala Gln Ser Glu Leu
 580 585 590
 Val Thr Met Ser Val Glu Leu Asp Val Asn Met Phe Arg Gly Phe Ile
 595 600 605
 Ser Pro Gln Gly Ile Val Ser Ala Cys Thr Val Ile
 610 615 620

<210> 3

<211> 2845

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2815)

<223> RXA00061

<400> 3

```

aatcaattgc agaactaacc cggttggttc cgagccagtc tgaatgactg aaagcaatat 60
tagaccatca atgattagga atggaaatta ggggtctgggt ttg ggt gaa tgt gtc 115
                                   Leu Gly Glu Cys Val
                                   1 5
gct aat ttt tcc act cgc cta cac tcg gga ggc gtg act gag aag act 163
Ala Asn Phe Ser Thr Arg Leu His Ser Gly Gly Val Thr Glu Lys Thr
                                   10 15 20
gac cag acc tta atg ctt atc gac ggc cac tcg atg gct ttc cgc gca 211
Asp Gln Thr Leu Met Leu Ile Asp Gly His Ser Met Ala Phe Arg Ala
                                   25 30 35
ttc ttt gct ttg ccg gct gag aat ttc tcc acg tcg ggc ggg cag gcc 259
Phe Phe Ala Leu Pro Ala Glu Asn Phe Ser Thr Ser Gly Gly Gln Ala
                                   40 45 50
acc aat gct gtc tat ggc ttt ctc tcg atg ctg tcc acg ttg ttg aag 307
Thr Asn Ala Val Tyr Gly Phe Leu Ser Met Leu Ser Thr Leu Leu Lys
                                   55 60 65
gat gag cag cct act cat gtg gcg gtg gct ttc gat gtg ggg cgt aag 355
Asp Glu Gln Pro Thr His Val Ala Val Ala Phe Asp Val Gly Arg Lys
                                   70 75 80 85
acg ttc cgt acc gat atg ttc ccg gcg tat aag gcg cag cgt gaa gca 403
Thr Phe Arg Thr Asp Met Phe Pro Ala Tyr Lys Ala Gln Arg Glu Ala
                                   90 95 100
acg cca cct gag ttt aag ggc cag gtg gaa atc ctc aag gag gtg ttg 451
Thr Pro Pro Glu Phe Lys Gly Gln Val Glu Ile Leu Lys Glu Val Leu
                                   105 110 115
tcc act ttg gga att acg act att gag aaa atc gat ttt gag gct gat 499
Ser Thr Leu Gly Ile Thr Thr Ile Glu Lys Ile Asp Phe Glu Ala Asp
                                   120 125 130
gat gtg atc gcc acg ttg tct gtg gcg gcg aaa cct tta ggc ttt aag 547
Asp Val Ile Ala Thr Leu Ser Val Ala Ala Lys Pro Leu Gly Phe Lys
                                   135 140 145
acg ctg att gtt acg ggt gac cgt gat tcc ttc cag ttg gtc aat gac 595
Thr Leu Ile Val Thr Gly Asp Arg Asp Ser Phe Gln Leu Val Asn Asp
                                   150 155 160 165
acc acc acg gtg ttg tat ccg atg aag ggc gtg tct gtg ctg cac cgt 643
Thr Thr Thr Val Leu Tyr Pro Met Lys Gly Val Ser Val Leu His Arg
                                   170 175 180
ttc acg ccg gaa gca gtg gag gag aag tat gga ctg aca ccg agg cag 691
Phe Thr Pro Glu Ala Val Glu Glu Lys Tyr Gly Leu Thr Pro Arg Gln
                                   185 190 195
tat ccg gag ttt gca gcg ctg cgt ggt gat cct tcc gat aac ttg cct 739
Tyr Pro Glu Phe Ala Ala Leu Arg Gly Asp Pro Ser Asp Asn Leu Pro
                                   200 205 210
aat att cct ggc gtg ggc gag aag act gct acc aag tgg att gcc cag 787

```


Asn	Ile	Pro	Gly	Val	Gly	Glu	Lys	Thr	Ala	Thr	Lys	Trp	Ile	Ala	Gln		
215						220					225						
tat	gaa	act	ttg	gat	aat	ttg	ctt	gat	cac	gct	gat	gag	atc	aag	ggc	835	
Tyr	Glu	Thr	Leu	Asp	Asn	Leu	Leu	Asp	His	Ala	Asp	Glu	Ile	Lys	Gly		
230					235				240						245		
aag	gtt	ggc	gcc	agc	ctg	cgt	gag	cgc	att	gag	cag	gtc	cgg	atg	aac	883	
Lys	Val	Gly	Ala	Ser	Leu	Arg	Glu	Arg	Ile	Glu	Gln	Val	Arg	Met	Asn		
				250					255					260			
cgc	aag	ctc	acg	gag	atg	gtg	aag	gat	ctg	gag	ctg	ccg	ctt	ggt	ccg	931	
Arg	Lys	Leu	Thr	Glu	Met	Val	Lys	Asp	Leu	Glu	Leu	Pro	Leu	Gly	Pro		
			265					270					275				
gac	gat	ttt	gag	atg	aag	cct	gtg	cag	gtt	gcg	gag	gtt	gcg	gcg	aag	979	
Asp	Asp	Phe	Glu	Met	Lys	Pro	Val	Gln	Val	Ala	Glu	Val	Ala	Ala	Lys		
		280					285					290					
ttt	gac	gat	ctg	gag	ttt	ggt	acc	aat	ttg	cgt	gag	cgg	gtg	ctg	gcg	1027	
Phe	Asp	Asp	Leu	Glu	Phe	Gly	Thr	Asn	Leu	Arg	Glu	Arg	Val	Leu	Ala		
	295					300					305						
gtg	gtg	aag	gcc	gag	ggt	tcc	gct	gcc	ccc	gtg	gag	gaa	gtg	gaa	gcg	1075	
Val	Val	Lys	Ala	Glu	Gly	Ser	Ala	Ala	Pro	Val	Glu	Glu	Val	Glu	Ala		
310					315					320					325		
gaa	cag	gtt	gtc	gtc	gat	acg	caa	tct	ttg	gcg	caa	tgg	ctg	cct	gct	1123	
Glu	Gln	Val	Val	Val	Asp	Thr	Gln	Ser	Leu	Ala	Gln	Trp	Leu	Pro	Ala		
				330					335					340			
agg	gct	ggc	cag	gcg	ctt	gct	tta	gcg	ctg	gct	gga	gtg	gct	aaa	cct	1171	
Arg	Ala	Gly	Gln	Ala	Leu	Ala	Leu	Ala	Leu	Ala	Gly	Val	Ala	Lys	Pro		
			345					350					355				
gct	gct	ggc	gac	acg	tat	gcg	cta	gcg	att	gcg	gat	acc	aag	ogc	cat	1219	
Ala	Ala	Gly	Asp	Thr	Tyr	Ala	Leu	Ala	Ile	Ala	Asp	Thr	Lys	Arg	His		
		360					365					370					
gcg	gtg	ttg	gtt	gat	gtg	gct	gat	att	tca	gcg	gag	gat	gaa	aag	gcg	1267	
Ala	Val	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Asp	Ile	Ser	Ala	Glu	Asp	Glu	Lys	Ala		
	375					380					385						
ctg	gcc	acg	tgg	ttg	gcg	tcg	gaa	gat	cca	aag	atg	ctg	cac	ggc	gct	1315	
Leu	Ala	Thr	Trp	Leu	Ala	Ser	Glu	Asp	Pro	Lys	Met	Leu	His	Gly	Ala		
	390				395				400					405			
aag	gcc	gcc	tat	cat	atg	ctc	gct	ggg	cgc	ggt	ttt	gag	ctg	cac	ggc	1363	
Lys	Ala	Ala	Tyr	His	Met	Leu	Ala	Gly	Arg	Gly	Phe	Glu	Leu	His	Gly		
				410				415					420				
gtg	gtg	cat	gac	acg	gcg	atc	gcg	gca	tac	ttg	ctg	cgt	ccg	ggc	caa	1411	
Val	Val	His	Asp	Thr	Ala	Ile	Ala	Ala	Tyr	Leu	Leu	Arg	Pro	Gly	Gln		
			425					430					435				
cgc	acc	tat	gag	ctt	gcc	gac	gtc	tac	cag	cgg	cat	ctt	caa	cga	cag	1459	
Arg	Thr	Tyr	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Tyr	Gln	Arg	His	Leu	Gln	Arg	Gln		
		440					445					450					
ttg	tct	aca	aac	gac	aat	ggc	ggc	cag	ctc	acg	ctg	ctc	gac	gca	gct	1507	
Leu	Ser	Thr	Asn	Asp	Asn	Gly	Gly	Gln	Leu	Thr	Leu	Leu	Asp	Ala	Ala		
	455					460					465						
gat	gac	caa	tcg	ctt	gtt	gat	gat	gtc	att	gca	atc	ctt	gag	ctg	tct	1555	

Asp Asp Gln Ser Leu Val Asp Asp Val Ile Ala Ile Leu Glu Leu Ser 470 475 480 485	
gaa gaa ttg acc aaa cag ctt cag gag att caa gct ttt gag ctt tac Glu Glu Leu Thr Lys Gln Leu Gln Glu Ile Gln Ala Phe Glu Leu Tyr 490 495 500	1603
cat gac ctg gaa att ccg ctg tcg gga att ctg gcg cgc atg gag gcc His Asp Leu Glu Ile Pro Leu Ser Gly Ile Leu Ala Arg Met Glu Ala 505 510 515	1651
atc ggt atc gct gtt gat gtt gcc act ttg gaa gag cag ttg aag act Ile Gly Ile Ala Val Asp Val Ala Thr Leu Glu Glu Gln Leu Lys Thr 520 525 530	1699
ttc att ggt cag gtt gct cag gaa gag gaa gca gct cgc gag ctc gct Phe Ile Gly Gln Val Ala Gln Glu Glu Glu Ala Ala Arg Glu Leu Ala 535 540 545	1747
gag gat cca acc ctg aat ctc tcg agc ccg aag cag ctg caa gtg gtg Glu Asp Pro Thr Leu Asn Leu Ser Ser Pro Lys Gln Leu Gln Val Val 550 555 560 565	1795
ctt ttt gag acg ttc gga atg ccg aaa acc aag aaa acc aag acc ggc Leu Phe Glu Thr Phe Gly Met Pro Lys Thr Lys Lys Thr Lys Thr Gly 570 575 580	1843
tac tct acg gct gcc gcg gaa att gaa gcc cta gcg atc aag aat ccg Tyr Ser Thr Ala Ala Ala Glu Ile Glu Ala Leu Ala Ile Lys Asn Pro 585 590 595	1891
cac cca ttc cta gat cac ctg ttg gca cac cgt cag tac caa aag atg His Pro Phe Leu Asp His Leu Leu Ala His Arg Gln Tyr Gln Lys Met 600 605 610	1939
aag acc act ctg gaa ggt ctc atc cgt gag gtg gct cct gat ggc cgt Lys Thr Thr Leu Glu Gly Leu Ile Arg Glu Val Ala Pro Asp Gly Arg 615 620 625	1987
att cac acc acc ttc aac cag acg gtg gcg tct acg gga cgt ttg tca Ile His Thr Thr Phe Asn Gln Thr Val Ala Ser Thr Gly Arg Leu Ser 630 635 640 645	2035
tcc act gat ccc aac ctg caa aac att cct gtg cgc act gag gct ggc Ser Thr Asp Pro Asn Leu Gln Asn Ile Pro Val Arg Thr Glu Ala Gly 650 655 660	2083
cga aag att cgt tcg gga ttc gtc gta ggc gag ggg tat gaa acc ttg Arg Lys Ile Arg Ser Gly Phe Val Val Gly Glu Gly Tyr Glu Thr Leu 665 670 675	2131
ctg act gcc gac tat tcg cag att gaa atg cgc gtg atg gct cac ctt Leu Thr Ala Asp Tyr Ser Gln Ile Glu Met Arg Val Met Ala His Leu 680 685 690	2179
tcc cag gac cca ggc ttg att gag gcg tac cgc gaa ggc gaa gac ctg Ser Gln Asp Pro Gly Leu Ile Glu Ala Tyr Arg Glu Gly Glu Asp Leu 695 700 705	2227
cac aat tac gtg ggt tcc aag gtg ttt aat gtg ccc atc gat ggc gtg His Asn Tyr Val Gly Ser Lys Val Phe Asn Val Pro Ile Asp Gly Val 710 715 720 725	2275
acc cct gag ctg cgt cgc cag gtc aag gcc atg tct tac ggt ctg gtg	2323

Thr	Pro	Glu	Leu	Arg	Arg	Gln	Val	Lys	Ala	Met	Ser	Tyr	Gly	Leu	Val		
				730					735					740			
tac	ggc	ttg	tcc	gcg	ttt	ggt	ttg	tct	cag	cag	ctg	agc	att	cct	gct	2371	
Tyr	Gly	Leu	Ser	Ala	Phe	Gly	Leu	Ser	Gln	Gln	Leu	Ser	Ile	Pro	Ala		
			745					750					755				
ggc	gaa	gcg	aag	cag	atc	atg	gag	tcc	tac	ttc	gag	cgc	ttc	ggc	gga	2419	
Gly	Glu	Ala	Lys	Gln	Ile	Met	Glu	Ser	Tyr	Phe	Glu	Arg	Phe	Gly	Gly		
		760					765					770					
gta	cag	cgc	tac	ctc	cgg	gag	atc	gtg	gag	gag	gct	cga	aaa	gct	ggc	2467	
Val	Gln	Arg	Tyr	Leu	Arg	Glu	Ile	Val	Glu	Glu	Ala	Arg	Lys	Ala	Gly		
	775					780					785						
tac	acg	gaa	acg	ctg	ttt	ggg	cgt	cgt	cgc	tac	ctg	ccg	gaa	ctg	acc	2515	
Tyr	Thr	Glu	Thr	Leu	Phe	Gly	Arg	Arg	Arg	Tyr	Leu	Pro	Glu	Leu	Thr		
790					795				800					805			
tcg	gat	aac	cgt	gtc	gct	cgt	gaa	aac	gct	gaa	cgt	gcc	gca	ctg	aac	2563	
Ser	Asp	Asn	Arg	Val	Ala	Arg	Glu	Asn	Ala	Glu	Arg	Ala	Ala	Leu	Asn		
			810					815					820				
gcc	ccg	att	cag	gga	act	gcc	gca	gac	atc	atc	aag	gtg	gcc	atg	atc	2611	
Ala	Pro	Ile	Gln	Gly	Thr	Ala	Ala	Asp	Ile	Ile	Lys	Val	Ala	Met	Ile		
			825					830					835				
cgg	gtg	gac	cgt	tca	ctc	aag	gaa	gct	gcc	gtg	aaa	tct	cgc	gtg	ctg	2659	
Arg	Val	Asp	Arg	Ser	Leu	Lys	Glu	Ala	Ala	Val	Lys	Ser	Arg	Val	Leu		
	840					845					850						
ctt	cag	gtg	cat	gat	gaa	ttg	gtc	gtg	gaa	gta	gcg	gcc	ggg	gag	ttg	2707	
Leu	Gln	Val	His	Asp	Glu	Leu	Val	Val	Glu	Val	Ala	Ala	Gly	Glu	Leu		
	855					860					865						
gaa	caa	gtc	cgt	gag	att	ctg	gaa	cgc	gaa	atg	gat	aac	gcc	atc	aag	2755	
Glu	Gln	Val	Arg	Glu	Ile	Leu	Glu	Arg	Glu	Met	Asp	Asn	Ala	Ile	Lys		
870					875				880					885			
ctg	tcc	gtt	cct	ttg	gaa	gtt	tca	gct	ggg	gat	ggc	gtt	aac	tgg	gat	2803	
Leu	Ser	Val	Pro	Leu	Glu	Val	Ser	Ala	Gly	Asp	Gly	Val	Asn	Trp	Asp		
			890					895					900				
gct	gca	gcg	cac	taagaggtaa	ctgccttttc	gtcgacgagc										2845	
Ala	Ala	Ala	His														
			905														

<210> 4

<211> 905

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 4

Leu	Gly	Glu	Cys	Val	Ala	Asn	Phe	Ser	Thr	Arg	Leu	His	Ser	Gly	Gly
1				5					10					15	

Val	Thr	Glu	Lys	Thr	Asp	Gln	Thr	Leu	Met	Leu	Ile	Asp	Gly	His	Ser
			20					25					30		

Met	Ala	Phe	Arg	Ala	Phe	Phe	Ala	Leu	Pro	Ala	Glu	Asn	Phe	Ser	Thr
		35					40					45			

Ser Gly Gly Gln Ala Thr Asn Ala Val Tyr Gly Phe Leu Ser Met Leu
 50 55 60
 Ser Thr Leu Leu Lys Asp Glu Gln Pro Thr His Val Ala Val Ala Phe
 65 70 75 80
 Asp Val Gly Arg Lys Thr Phe Arg Thr Asp Met Phe Pro Ala Tyr Lys
 85 90 95
 Ala Gln Arg Glu Ala Thr Pro Pro Glu Phe Lys Gly Gln Val Glu Ile
 100 105 110
 Leu Lys Glu Val Leu Ser Thr Leu Gly Ile Thr Thr Ile Glu Lys Ile
 115 120 125
 Asp Phe Glu Ala Asp Asp Val Ile Ala Thr Leu Ser Val Ala Ala Lys
 130 135 140
 Pro Leu Gly Phe Lys Thr Leu Ile Val Thr Gly Asp Arg Asp Ser Phe
 145 150 155 160
 Gln Leu Val Asn Asp Thr Thr Thr Val Leu Tyr Pro Met Lys Gly Val
 165 170 175
 Ser Val Leu His Arg Phe Thr Pro Glu Ala Val Glu Glu Lys Tyr Gly
 180 185 190
 Leu Thr Pro Arg Gln Tyr Pro Glu Phe Ala Ala Leu Arg Gly Asp Pro
 195 200 205
 Ser Asp Asn Leu Pro Asn Ile Pro Gly Val Gly Glu Lys Thr Ala Thr
 210 215 220
 Lys Trp Ile Ala Gln Tyr Glu Thr Leu Asp Asn Leu Leu Asp His Ala
 225 230 235 240
 Asp Glu Ile Lys Gly Lys Val Gly Ala Ser Leu Arg Glu Arg Ile Glu
 245 250 255
 Gln Val Arg Met Asn Arg Lys Leu Thr Glu Met Val Lys Asp Leu Glu
 260 265 270
 Leu Pro Leu Gly Pro Asp Asp Phe Glu Met Lys Pro Val Gln Val Ala
 275 280 285
 Glu Val Ala Ala Lys Phe Asp Asp Leu Glu Phe Gly Thr Asn Leu Arg
 290 295 300
 Glu Arg Val Leu Ala Val Val Lys Ala Glu Gly Ser Ala Ala Pro Val
 305 310 315 320
 Glu Glu Val Glu Ala Glu Gln Val Val Val Asp Thr Gln Ser Leu Ala
 325 330 335
 Gln Trp Leu Pro Ala Arg Ala Gly Gln Ala Leu Ala Leu Ala Leu Ala
 340 345 350
 Gly Val Ala Lys Pro Ala Ala Gly Asp Thr Tyr Ala Leu Ala Ile Ala
 355 360 365
 Asp Thr Lys Arg His Ala Val Leu Val Asp Val Ala Asp Ile Ser Ala
 370 375 380
 Glu Asp Glu Lys Ala Leu Ala Thr Trp Leu Ala Ser Glu Asp Pro Lys

385		390		395		400
Met Leu His Gly	Ala Lys Ala Ala Tyr His	Met Leu Ala Gly Arg Gly				
	405	410	415			
Phe Glu Leu His Gly Val Val His Asp Thr Ala Ile Ala Ala Tyr Leu						
	420	425	430			
Leu Arg Pro Gly Gln Arg Thr Tyr Glu Leu Ala Asp Val Tyr Gln Arg						
	435	440	445			
His Leu Gln Arg Gln Leu Ser Thr Asn Asp Asn Gly Gly Gln Leu Thr						
	450	455	460			
Leu Leu Asp Ala Ala Asp Asp Gln Ser Leu Val Asp Asp Val Ile Ala						
465	470	475	480			
Ile Leu Glu Leu Ser Glu Glu Leu Thr Lys Gln Leu Gln Glu Ile Gln						
	485	490	495			
Ala Phe Glu Leu Tyr His Asp Leu Glu Ile Pro Leu Ser Gly Ile Leu						
	500	505	510			
Ala Arg Met Glu Ala Ile Gly Ile Ala Val Asp Val Ala Thr Leu Glu						
	515	520	525			
Glu Gln Leu Lys Thr Phe Ile Gly Gln Val Ala Gln Glu Glu Glu Ala						
	530	535	540			
Ala Arg Glu Leu Ala Glu Asp Pro Thr Leu Asn Leu Ser Ser Pro Lys						
545	550	555	560			
Gln Leu Gln Val Val Leu Phe Glu Thr Phe Gly Met Pro Lys Thr Lys						
	565	570	575			
Lys Thr Lys Thr Gly Tyr Ser Thr Ala Ala Ala Glu Ile Glu Ala Leu						
	580	585	590			
Ala Ile Lys Asn Pro His Pro Phe Leu Asp His Leu Leu Ala His Arg						
	595	600	605			
Gln Tyr Gln Lys Met Lys Thr Thr Leu Glu Gly Leu Ile Arg Glu Val						
	610	615	620			
Ala Pro Asp Gly Arg Ile His Thr Thr Phe Asn Gln Thr Val Ala Ser						
625	630	635	640			
Thr Gly Arg Leu Ser Ser Thr Asp Pro Asn Leu Gln Asn Ile Pro Val						
	645	650	655			
Arg Thr Glu Ala Gly Arg Lys Ile Arg Ser Gly Phe Val Val Gly Glu						
	660	665	670			
Gly Tyr Glu Thr Leu Leu Thr Ala Asp Tyr Ser Gln Ile Glu Met Arg						
	675	680	685			
Val Met Ala His Leu Ser Gln Asp Pro Gly Leu Ile Glu Ala Tyr Arg						
	690	695	700			
Glu Gly Glu Asp Leu His Asn Tyr Val Gly Ser Lys Val Phe Asn Val						
705	710	715	720			
Pro Ile Asp Gly Val Thr Pro Glu Leu Arg Arg Gln Val Lys Ala Met						
	725	730	735			

Ser Tyr Gly Leu Val Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Leu Ser Gln Gln
 740 745 750
 Leu Ser Ile Pro Ala Gly Glu Ala Lys Gln Ile Met Glu Ser Tyr Phe
 755 760 765
 Glu Arg Phe Gly Gly Val Gln Arg Tyr Leu Arg Glu Ile Val Glu Glu
 770 775 780
 Ala Arg Lys Ala Gly Tyr Thr Glu Thr Leu Phe Gly Arg Arg Arg Tyr
 785 790 795 800
 Leu Pro Glu Leu Thr Ser Asp Asn Arg Val Ala Arg Glu Asn Ala Glu
 805 810 815
 Arg Ala Ala Leu Asn Ala Pro Ile Gln Gly Thr Ala Ala Asp Ile Ile
 820 825 830
 Lys Val Ala Met Ile Arg Val Asp Arg Ser Leu Lys Glu Ala Ala Val
 835 840 845
 Lys Ser Arg Val Leu Leu Gln Val His Asp Glu Leu Val Val Glu Val
 850 855 860
 Ala Ala Gly Glu Leu Glu Gln Val Arg Glu Ile Leu Glu Arg Glu Met
 865 870 875 880
 Asp Asn Ala Ile Lys Leu Ser Val Pro Leu Glu Val Ser Ala Gly Asp
 885 890 895
 Gly Val Asn Trp Asp Ala Ala Ala His
 900 905

<210> 5

<211> 1621

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1591)

<223> RXA00209

<400> 5

acaagaccct cgatgctgcg gctgcgttgg accaagcgcc cgctgtcgag gatggacgtt 60

ttatggttcc gcagattctg ggtgagggcg actaataatt atg acc aac aag tac 115
 Met Thr Asn Lys Tyr
 1 5

ctg gtt gaa ggc tct gaa aac gag ctg acc aca aag acc gca gca gag 163
 Leu Val Glu Gly Ser Glu Asn Glu Leu Thr Thr Lys Thr Ala Ala Glu
 10 15 20

ctg gca ggt ctt att cat tcc cgc gag gta act tcc cgc gag gtt act 211
 Leu Ala Gly Leu Ile His Ser Arg Glu Val Thr Ser Arg Glu Val Thr
 25 30 35

caa gcg cac cta gat cgc att gct gcg gtt gac ggc gat att cat gca 259
 Gln Ala His Leu Asp Arg Ile Ala Ala Val Asp Gly Asp Ile His Ala
 40 45 50

ttt ctc cac gtt ggc cag gag gag gcc ctg aac gcg gcg gat gac gtc 307

Phe	Leu	His	Val	Gly	Gln	Glu	Glu	Ala	Leu	Asn	Ala	Ala	Asp	Asp	Val		
55						60					65						
gat	aag	cgt	cta	gac	gct	gga	gag	gca	cct	gcc	tcg	gct	ttg	gct	ggc	355	
Asp	Lys	Arg	Leu	Asp	Ala	Gly	Glu	Ala	Pro	Ala	Ser	Ala	Leu	Ala	Gly		
70					75					80					85		
gtg	ccg	ctt	gcg	ctg	aag	gat	gtc	ttt	acc	acc	act	gat	gcg	ccg	acc	403	
Val	Pro	Leu	Ala	Leu	Lys	Asp	Val	Phe	Thr	Thr	Thr	Asp	Ala	Pro	Thr		
				90					95					100			
acg	gcg	gca	tcg	aag	atg	ctt	gag	ggc	tac	atg	agc	cct	tat	gac	gcg	451	
Thr	Ala	Ala	Ser	Lys	Met	Leu	Glu	Gly	Tyr	Met	Ser	Pro	Tyr	Asp	Ala		
			105					110					115				
act	gtg	acc	cgc	aag	atc	cgt	gag	gct	ggc	atc	cca	att	ttg	ggt	aag	499	
Thr	Val	Thr	Arg	Lys	Ile	Arg	Glu	Ala	Gly	Ile	Pro	Ile	Leu	Gly	Lys		
	120						125					130					
acc	aac	atg	gat	gag	ttt	gcg	atg	ggt	tcc	tcc	act	gag	aac	tcc	gca	547	
Thr	Asn	Met	Asp	Glu	Phe	Ala	Met	Gly	Ser	Ser	Thr	Glu	Asn	Ser	Ala		
	135					140					145						
tac	ggc	cca	acc	cac	aat	ccg	tgg	gat	ctg	gag	cgc	acc	gca	ggt	ggt	595	
Tyr	Gly	Pro	Thr	His	Asn	Pro	Trp	Asp	Leu	Glu	Arg	Thr	Ala	Gly	Gly		
150					155					160					165		
tct	ggt	ggt	ggc	tct	tca	gct	gct	ctt	gct	gca	ggt	cag	gcg	cca	ctt	643	
Ser	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Ala	Ala	Leu	Ala	Ala	Gly	Gln	Ala	Pro	Leu		
				170					175					180			
gcg	att	ggt	act	gac	act	ggt	gga	tcc	atc	cgt	cag	cca	gct	gcg	ctg	691	
Ala	Ile	Gly	Thr	Asp	Thr	Gly	Gly	Ser	Ile	Arg	Gln	Pro	Ala	Ala	Leu		
			185					190					195				
acc	aac	act	gtc	ggt	gtg	aag	cca	acc	tac	gga	acc	gta	tcc	cgt	tac	739	
Thr	Asn	Thr	Val	Gly	Val	Lys	Pro	Thr	Tyr	Gly	Thr	Val	Ser	Arg	Tyr		
	200					205						210					
ggt	ctg	att	gcg	tgt	gcg	tcc	tcc	ctg	gat	cag	ggt	ggc	cca	acc	gct	787	
Gly	Leu	Ile	Ala	Cys	Ala	Ser	Ser	Leu	Asp	Gln	Gly	Gly	Pro	Thr	Ala		
	215					220					225						
cgt	act	gtt	ctg	gat	acc	gcg	ctt	ttg	cac	gag	gtt	atc	gca	ggc	cac	835	
Arg	Thr	Val	Leu	Asp	Thr	Ala	Leu	Leu	His	Glu	Val	Ile	Ala	Gly	His		
230					235					240					245		
gac	gct	ttt	gat	gcg	acc	tcc	gtg	aat	cgt	ccg	gtt	gct	cct	gtt	gtg	883	
Asp	Ala	Phe	Asp	Ala	Thr	Ser	Val	Asn	Arg	Pro	Val	Ala	Pro	Val	Val		
				250					255					260			
cag	gct	gcc	cgt	gaa	ggc	gcg	aac	ggt	gac	ctg	aaa	ggc	gtg	aag	gtc	931	
Gln	Ala	Ala	Arg	Glu	Gly	Ala	Asn	Gly	Asp	Leu	Lys	Gly	Val	Lys	Val		
			265					270					275				
ggt	gtg	gtc	aag	cag	ttc	gac	cgc	gac	ggc	tac	cag	cct	ggc	gtg	ctt	979	
Gly	Val	Val	Lys	Gln	Phe	Asp	Arg	Asp	Gly	Tyr	Gln	Pro	Gly	Val	Leu		
	280						285					290					
gag	gca	ttc	cac	gct	tct	gtt	gag	cag	atg	cgc	tcc	cag	ggt	gcg	gaa	1027	
Glu	Ala	Phe	His	Ala	Ser	Val	Glu	Gln	Met	Arg	Ser	Gln	Gly	Ala	Glu		
	295					300				305							
atc	gtc	gag	gtt	gat	tgc	cct	cac	ttt	gat	gac	gct	ctt	ggc	gcg	tac	1075	

```

Ile Val Glu Val Asp Cys Pro His Phe Asp Asp Ala Leu Gly Ala Tyr
310                      315                      320                      325

tac ctg att ctt cct tgt gaa gtt tcc tcc aac ctc gcg cgt ttt gac 1123
Tyr Leu Ile Leu Pro Cys Glu Val Ser Ser Asn Leu Ala Arg Phe Asp
                      330                      335                      340

ggc atg cgt tac ggt ttg cgc gct ggt gat gac gga act cgt tcc gcc 1171
Gly Met Arg Tyr Gly Leu Arg Ala Gly Asp Asp Gly Thr Arg Ser Ala
                      345                      350                      355

gat gag gtc atg gcg tac acc cgt gcg cag gga ttc ggc cct gag gtt 1219
Asp Glu Val Met Ala Tyr Thr Arg Ala Gln Gly Phe Gly Pro Glu Val
                      360                      365                      370

aag cgc cgt atc atc ctc ggc act tac gcg ttg tct gtt ggt tac tac 1267
Lys Arg Arg Ile Ile Leu Gly Thr Tyr Ala Leu Ser Val Gly Tyr Tyr
                      375                      380                      385

gac gcg tac tac ctg cag gct cag cgc gtt cgt acc ctc att gca cag 1315
Asp Ala Tyr Tyr Leu Gln Ala Gln Arg Val Arg Thr Leu Ile Ala Gln
390                      395                      400                      405

gac ttc gcc aag gct tac gag cag gtc gac atc ttg gtg tcc cca acc 1363
Asp Phe Ala Lys Ala Tyr Glu Gln Val Asp Ile Leu Val Ser Pro Thr
                      410                      415                      420

act cca acc acc gcg ttc aag ctg ggg gag aag gtc acc gat ccg ctg 1411
Thr Pro Thr Thr Ala Phe Lys Leu Gly Glu Lys Val Thr Asp Pro Leu
                      425                      430                      435

gag atg tac aac ttc gac ttg tgc acc ctg cca ctg aac ctg gct ggt 1459
Glu Met Tyr Asn Phe Asp Leu Cys Thr Leu Pro Leu Asn Leu Ala Gly
                      440                      445                      450

ctc gcg ggc atg tcc ctg cct tcc ggc ttg gca tca gat act ggt ctg 1507
Leu Ala Gly Met Ser Leu Pro Ser Gly Leu Ala Ser Asp Thr Gly Leu
                      455                      460                      465

cct gtt ggt ttg cag ctg atg gct cct gct ttc cag gac gat cgt ctc 1555
Pro Val Gly Leu Gln Leu Met Ala Pro Ala Phe Gln Asp Asp Arg Leu
470                      475                      480                      485

tac cgc gtc ggc gct gct ttt gaa gct gga cgc aag taggttctaa 1601
Tyr Arg Val Gly Ala Ala Phe Glu Ala Gly Arg Lys
                      490                      495

acccttttta agaaattggc 1621

```

<210> 6

<211> 497

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 6

```

Met Thr Asn Lys Tyr Leu Val Glu Gly Ser Glu Asn Glu Leu Thr Thr
  1                      5                      10                      15

```

```

Lys Thr Ala Ala Glu Leu Ala Gly Leu Ile His Ser Arg Glu Val Thr
      20                      25                      30

```

```

Ser Arg Glu Val Thr Gln Ala His Leu Asp Arg Ile Ala Ala Val Asp

```


35					40					45					
Gly	Asp	Ile	His	Ala	Phe	Leu	His	Val	Gly	Gln	Glu	Glu	Ala	Leu	Asn
50						55					60				
Ala	Ala	Asp	Asp	Val	Asp	Lys	Arg	Leu	Asp	Ala	Gly	Glu	Ala	Pro	Ala
65					70					75					80
Ser	Ala	Leu	Ala	Gly	Val	Pro	Leu	Ala	Leu	Lys	Asp	Val	Phe	Thr	Thr
				85					90					95	
Thr	Asp	Ala	Pro	Thr	Thr	Ala	Ala	Ser	Lys	Met	Leu	Glu	Gly	Tyr	Met
			100					105					110		
Ser	Pro	Tyr	Asp	Ala	Thr	Val	Thr	Arg	Lys	Ile	Arg	Glu	Ala	Gly	Ile
		115					120					125			
Pro	Ile	Leu	Gly	Lys	Thr	Asn	Met	Asp	Glu	Phe	Ala	Met	Gly	Ser	Ser
	130					135					140				
Thr	Glu	Asn	Ser	Ala	Tyr	Gly	Pro	Thr	His	Asn	Pro	Trp	Asp	Leu	Glu
145						150					155				160
Arg	Thr	Ala	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Ala	Ala	Leu	Ala	Ala
			165					170						175	
Gly	Gln	Ala	Pro	Leu	Ala	Ile	Gly	Thr	Asp	Thr	Gly	Gly	Ser	Ile	Arg
			180					185					190		
Gln	Pro	Ala	Ala	Leu	Thr	Asn	Thr	Val	Gly	Val	Lys	Pro	Thr	Tyr	Gly
		195					200					205			
Thr	Val	Ser	Arg	Tyr	Gly	Leu	Ile	Ala	Cys	Ala	Ser	Ser	Leu	Asp	Gln
	210					215					220				
Gly	Gly	Pro	Thr	Ala	Arg	Thr	Val	Leu	Asp	Thr	Ala	Leu	Leu	His	Glu
225						230					235				240
Val	Ile	Ala	Gly	His	Asp	Ala	Phe	Asp	Ala	Thr	Ser	Val	Asn	Arg	Pro
			245					250					255		
Val	Ala	Pro	Val	Val	Gln	Ala	Ala	Arg	Glu	Gly	Ala	Asn	Gly	Asp	Leu
		260						265					270		
Lys	Gly	Val	Lys	Val	Gly	Val	Val	Lys	Gln	Phe	Asp	Arg	Asp	Gly	Tyr
	275						280					285			
Gln	Pro	Gly	Val	Leu	Glu	Ala	Phe	His	Ala	Ser	Val	Glu	Gln	Met	Arg
	290					295					300				
Ser	Gln	Gly	Ala	Glu	Ile	Val	Glu	Val	Asp	Cys	Pro	His	Phe	Asp	Asp
305						310					315				320
Ala	Leu	Gly	Ala	Tyr	Tyr	Leu	Ile	Leu	Pro	Cys	Glu	Val	Ser	Ser	Asn
			325					330					335		
Leu	Ala	Arg	Phe	Asp	Gly	Met	Arg	Tyr	Gly	Leu	Arg	Ala	Gly	Asp	Asp
			340					345					350		
Gly	Thr	Arg	Ser	Ala	Asp	Glu	Val	Met	Ala	Tyr	Thr	Arg	Ala	Gln	Gly
		355					360					365			
Phe	Gly	Pro	Glu	Val	Lys	Arg	Arg	Ile	Ile	Leu	Gly	Thr	Tyr	Ala	Leu
	370					375					380				

Ser Val Gly Tyr Tyr Asp Ala Tyr Tyr Leu Gln Ala Gln Arg Val Arg
 385 390 395 400

Thr Leu Ile Ala Gln Asp Phe Ala Lys Ala Tyr Glu Gln Val Asp Ile
 405 410 415

Leu Val Ser Pro Thr Thr Pro Thr Thr Ala Phe Lys Leu Gly Glu Lys
 420 425 430

Val Thr Asp Pro Leu Glu Met Tyr Asn Phe Asp Leu Cys Thr Leu Pro
 435 440 445

Leu Asn Leu Ala Gly Leu Ala Gly Met Ser Leu Pro Ser Gly Leu Ala
 450 455 460

Ser Asp Thr Gly Leu Pro Val Gly Leu Gln Leu Met Ala Pro Ala Phe
 465 470 475 480

Gln Asp Asp Arg Leu Tyr Arg Val Gly Ala Ala Phe Glu Ala Gly Arg
 485 490 495

Lys

<210> 7
 <211> 793
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(763)
 <223> RXA00211

<400> 7
 tgagccaaaa tcaataagggt gtttttcagc ctgaggtaaa aatacggtgg tactgtcgaa 60

accaatcatc ccctagttttt gaaaagaagg aagcgagcca atg tca ttc ctg atc 115
 Met Ser Phe Leu Ile
 1 5

cgc gtc ctg ttg tcc gac acc cca ggc agc ctc gcg tta ctc gct gaa 163
 Arg Val Leu Leu Ser Asp Thr Pro Gly Ser Leu Ala Leu Leu Ala Glu
 10 15 20

gcc ctt ggg att gta gag gcc aat att caa tcc gtg gac gtg gtg gaa 211
 Ala Leu Gly Ile Val Glu Ala Asn Ile Gln Ser Val Asp Val Val Glu
 25 30 35

cgc ttc ccc aat ggc acg gtc atg gac gat ctg gtg atc tcc atc cct 259
 Arg Phe Pro Asn Gly Thr Val Met Asp Asp Leu Val Ile Ser Ile Pro
 40 45 50

cgc gat gtc atg gca gac acc atc atc acc gca gct gaa gaa gtc gac 307
 Arg Asp Val Met Ala Asp Thr Ile Ile Thr Ala Ala Glu Glu Val Asp
 55 60 65

ggc gtg gag att gat tcc atc cgc cca ttc tcc ggg act gtt gac cgc 355
 Gly Val Glu Ile Asp Ser Ile Arg Pro Phe Ser Gly Thr Val Asp Arg
 70 75 80 85

cgc gga cag atc caa atg ctg gct gct gtt gct cac caa cgc cgc gat 403

```

Arg Gly Gln Ile Gln Met Leu Ala Ala Val Ala His Gln Arg Arg Asp
      90                      95                      100
atc acc gca gcg atg gaa gaa atg gtc gat gtc atc ccc cgc acc atg 451
Ile Thr Ala Ala Met Glu Glu Met Val Asp Val Ile Pro Arg Thr Met
      105                      110                      115
acc tct ggt tgg gct ttg gtc att gat cta aaa gga ccc atc act cgc 499
Thr Ser Gly Trp Ala Leu Val Ile Asp Leu Lys Gly Pro Ile Thr Arg
      120                      125                      130
atc gct ggt tcc cta gca gcg ccc gaa gat gac ggc acc gtt ccg gag 547
Ile Ala Gly Ser Leu Ala Ala Pro Glu Asp Asp Gly Thr Val Pro Glu
      135                      140                      145
aac atc gtt ctc aaa gaa gct cgc atg ctc aac ccg gaa aac gat ccg 595
Asn Ile Val Leu Lys Glu Ala Arg Met Leu Asn Pro Glu Asn Asp Pro
      150                      155                      160                      165
tgg att cca gag tcc tgg aca ctg ctt gat tct tcc ctt gcc atc gct 643
Trp Ile Pro Glu Ser Trp Thr Leu Leu Asp Ser Ser Leu Ala Ile Ala
      170                      175                      180
ccg atc ggc aag cac ggc ctg gct ctg att atc ggt cgc cct ggt ggc 691
Pro Ile Gly Lys His Gly Leu Ala Leu Ile Ile Gly Arg Pro Gly Gly
      185                      190                      195
cct gat ttc ttg gcc agc gaa gtg gag cac tta ggc caa gtc ggt gac 739
Pro Asp Phe Leu Ala Ser Glu Val Glu His Leu Gly Gln Val Gly Asp
      200                      205                      210
att atc gga gca atg ctt caa aaa taatctgagc tgtttaaaaa atgccccaaag 793
Ile Ile Gly Ala Met Leu Gln Lys
      215                      220

```

<210> 8
 <211> 221
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

```

<400> 8
Met Ser Phe Leu Ile Arg Val Leu Leu Ser Asp Thr Pro Gly Ser Leu
  1                      5                      10                      15
Ala Leu Leu Ala Glu Ala Leu Gly Ile Val Glu Ala Asn Ile Gln Ser
      20                      25                      30
Val Asp Val Val Glu Arg Phe Pro Asn Gly Thr Val Met Asp Asp Leu
      35                      40                      45
Val Ile Ser Ile Pro Arg Asp Val Met Ala Asp Thr Ile Ile Thr Ala
      50                      55                      60
Ala Glu Glu Val Asp Gly Val Glu Ile Asp Ser Ile Arg Pro Phe Ser
      65                      70                      75                      80
Gly Thr Val Asp Arg Arg Gly Gln Ile Gln Met Leu Ala Ala Val Ala
      85                      90                      95
His Gln Arg Arg Asp Ile Thr Ala Ala Met Glu Glu Met Val Asp Val
      100                      105                      110

```

Ile Pro Arg Thr Met Thr Ser Gly Trp Ala Leu Val Ile Asp Leu Lys
 115 120 125

Gly Pro Ile Thr Arg Ile Ala Gly Ser Leu Ala Ala Pro Glu Asp Asp
 130 135 140

Gly Thr Val Pro Glu Asn Ile Val Leu Lys Glu Ala Arg Met Leu Asn
 145 150 155 160

Pro Glu Asn Asp Pro Trp Ile Pro Glu Ser Trp Thr Leu Leu Asp Ser
 165 170 175

Ser Leu Ala Ile Ala Pro Ile Gly Lys His Gly Leu Ala Leu Ile Ile
 180 185 190

Gly Arg Pro Gly Gly Pro Asp Phe Leu Ala Ser Glu Val Glu His Leu
 195 200 205

Gly Gln Val Gly Asp Ile Ile Gly Ala Met Leu Gln Lys
 210 215 220

<210> 9
 <211> 1543
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1513)
 <223> RXA00314

<400> 9
 acctgtaaac acttacggtt tgggcgaaat tgaagcgga gccaacctgc tcaacgtcgc 60
 aaagaaagaa gcggtgccag caacaccata agttgaaacc ttg agt gtt cgc aca 115
 Leu Ser Val Arg Thr
 1 5

cag gtt aga cta ggg gac gtg act cta cgc atc ttt gac acc ggt acc 163
 Gln Val Arg Leu Gly Asp Val Thr Leu Arg Ile Phe Asp Thr Gly Thr
 10 15 20

cgt acg ctt cga gat ttt aaa cct gtt caa cca ggt cat gcc tcg gtg 211
 Arg Thr Leu Arg Asp Phe Lys Pro Val Gln Pro Gly His Ala Ser Val
 25 30 35

tac ctg tgt ggt gcc acc ccg caa tct tca ccc cac att gga cat gtt 259
 Tyr Leu Cys Gly Ala Thr Pro Gln Ser Ser Pro His Ile Gly His Val
 40 45 50

cgt tca gca gta gcg ttt gat att ttg cgc cgc tgg ctc atg gct aag 307
 Arg Ser Ala Val Ala Phe Asp Ile Leu Arg Arg Trp Leu Met Ala Lys
 55 60 65

gga ctt gat gtg gca ttt gtt cgc aat gtc act gat atc gat gac aag 355
 Gly Leu Asp Val Ala Phe Val Arg Asn Val Thr Asp Ile Asp Asp Lys
 70 75 80 85

att ctc acc aag gca tct gaa aat ggt cgc cct tgg tgg gaa tgg gtg 403
 Ile Leu Thr Lys Ala Ser Glu Asn Gly Arg Pro Trp Trp Glu Trp Val
 90 95 100

tcc acc tat gaa cgt gaa ttc acc tgg acg tac aac acg ttg ggt gtg 451

Ser	Thr	Tyr	Glu	Arg	Glu	Phe	Thr	Trp	Thr	Tyr	Asn	Thr	Leu	Gly	Val	
			105					110					115			
ctt	cct	cca	tca	acg	gag	cct	cgt	gca	aca	ggc	cac	gtc	act	cag	atg	499
Leu	Pro	Pro	Ser	Thr	Glu	Pro	Arg	Ala	Thr	Gly	His	Val	Thr	Gln	Met	
			120				125					130				
att	aag	tac	atg	cag	cgc	ttg	att	gat	aac	ggc	ttt	gct	tac	gcc	gtt	547
Ile	Lys	Tyr	Met	Gln	Arg	Leu	Ile	Asp	Asn	Gly	Phe	Ala	Tyr	Ala	Val	
	135					140					145					
gat	ggc	tct	gtg	tac	ttt	gat	gtc	gca	gcg	tgg	tcc	aag	gct	gaa	gga	595
Asp	Gly	Ser	Val	Tyr	Phe	Asp	Val	Ala	Ala	Trp	Ser	Lys	Ala	Glu	Gly	
150					155					160					165	
tct	gac	tat	ggg	tct	ttg	tcc	gga	aac	cgt	gtt	gaa	gat	atg	gag	cag	643
Ser	Asp	Tyr	Gly	Ser	Leu	Ser	Gly	Asn	Arg	Val	Glu	Asp	Met	Glu	Gln	
				170					175					180		
ggc	gag	ccc	gat	aac	ttt	ggg	aag	cgg	ggg	cca	cag	gac	ttt	gct	ctg	691
Gly	Glu	Pro	Asp	Asn	Phe	Gly	Lys	Arg	Gly	Pro	Gln	Asp	Phe	Ala	Leu	
			185					190					195			
tgg	aag	gct	gcc	aaa	ccg	ggg	gag	ccg	tca	tgg	cca	acc	cct	tgg	gga	739
Trp	Lys	Ala	Ala	Lys	Pro	Gly	Glu	Pro	Ser	Trp	Pro	Thr	Pro	Trp	Gly	
	200					205						210				
gac	ggc	cgg	ccg	ggg	tgg	cat	ttg	gaa	tgc	tct	gcc	atg	gcc	acc	tac	787
Asp	Gly	Arg	Pro	Gly	Trp	His	Leu	Glu	Cys	Ser	Ala	Met	Ala	Thr	Tyr	
	215					220					225					
tat	ttg	ggg	gag	caa	ttt	gat	att	cac	tgt	ggg	ggg	ttg	gat	ctg	caa	835
Tyr	Leu	Gly	Glu	Gln	Phe	Asp	Ile	His	Cys	Gly	Gly	Leu	Asp	Leu	Gln	
230					235				240					245		
ttt	cca	cac	cat	gaa	aat	gaa	att	gcc	cag	gca	cat	gcg	gct	ggc	gat	883
Phe	Pro	His	His	Glu	Asn	Glu	Ile	Ala	Gln	Ala	His	Ala	Ala	Gly	Asp	
				250					255					260		
aaa	ttt	gcc	aac	tac	tgg	atg	cac	aat	cac	tgg	gta	aca	atg	gcc	ggc	931
Lys	Phe	Ala	Asn	Tyr	Trp	Met	His	Asn	His	Trp	Val	Thr	Met	Ala	Gly	
			265					270					275			
gag	aaa	atg	tcc	aag	tct	ttg	ggc	aat	gtt	ttg	gct	gtg	ccg	gaa	atg	979
Glu	Lys	Met	Ser	Lys	Ser	Leu	Gly	Asn	Val	Leu	Ala	Val	Pro	Glu	Met	
	280					285						290				
cta	aag	cag	gtt	cgt	cct	gtc	gag	ctt	cgt	tat	tac	ctt	ggg	tct	gcc	1027
Leu	Lys	Gln	Val	Arg	Pro	Val	Glu	Leu	Arg	Tyr	Tyr	Leu	Gly	Ser	Ala	
	295					300					305					
cat	tac	cgt	tcc	gtc	ctt	gag	tat	tcc	gag	agc	gct	ttg	agt	gaa	gct	1075
His	Tyr	Arg	Ser	Val	Leu	Glu	Tyr	Ser	Glu	Ser	Ala	Leu	Ser	Glu	Ala	
310					315				320					325		
gcg	gtg	ggg	tac	cgt	cgc	att	gag	tct	ttc	ctt	gag	cgt	gtg	ggg	gat	1123
Ala	Val	Gly	Tyr	Arg	Arg	Ile	Glu	Ser	Phe	Leu	Glu	Arg	Val	Gly	Asp	
				330					335					340		
gtt	gag	gta	ggc	gag	tgg	acg	cca	ggg	ttt	gaa	gtt	gcg	atg	gat	gag	1171
Val	Glu	Val	Gly	Glu	Trp	Thr	Pro	Gly	Phe	Glu	Val	Ala	Met	Asp	Glu	
			345					350					355			
gat	att	gca	gtt	cct	aag	gct	ttg	gct	gaa	atc	cat	aac	gct	gtc	cgc	1219

Asp Ile Ala Val Pro Lys Ala Leu Ala Glu Ile His Asn Ala Val Arg
 360 365 370
 gag ggc aat gct gcc ttg gat aag ggt gat cgt gag gca gcg gag aag 1267
 Glu Gly Asn Ala Ala Leu Asp Lys Gly Asp Arg Glu Ala Ala Glu Lys
 375 380 385
 ctt gct tcc tcg gtt cgt gcg atg act ggc gtt ttg ggc ttc gac ccc 1315
 Leu Ala Ser Ser Val Arg Ala Met Thr Gly Val Leu Gly Phe Asp Pro
 390 395 400 405
 gtt gaa tgg ggt tca gat gca ggc gct gat ggc aag gca gat aag gcg 1363
 Val Glu Trp Gly Ser Asp Ala Gly Ala Asp Gly Lys Ala Asp Lys Ala
 410 415 420
 ctt gat gtg ctg att tct tcg gag ctt gag cgt cgt gca act gct cgt 1411
 Leu Asp Val Leu Ile Ser Ser Glu Leu Glu Arg Arg Ala Thr Ala Arg
 425 430 435
 gct gag aag aat tgg gcg gtt gct gat gag gtt cga gat cgt ctt gcc 1459
 Ala Glu Lys Asn Trp Ala Val Ala Asp Glu Val Arg Asp Arg Leu Ala
 440 445 450
 gat gct ggt att gag gtt gtg gat acc gca gat ggc gct aca tgg aaa 1507
 Asp Ala Gly Ile Glu Val Val Asp Thr Ala Asp Gly Ala Thr Trp Lys
 455 460 465
 ttg cag taattacaga cacttttaag gagataatt 1543
 Leu Gln
 470

<210> 10

<211> 471

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 10

Leu Ser Val Arg Thr Gln Val Arg Leu Gly Asp Val Thr Leu Arg Ile
 1 5 10 15
 Phe Asp Thr Gly Thr Arg Thr Leu Arg Asp Phe Lys Pro Val Gln Pro
 20 25 30
 Gly His Ala Ser Val Tyr Leu Cys Gly Ala Thr Pro Gln Ser Ser Pro
 35 40 45
 His Ile Gly His Val Arg Ser Ala Val Ala Phe Asp Ile Leu Arg Arg
 50 55 60
 Trp Leu Met Ala Lys Gly Leu Asp Val Ala Phe Val Arg Asn Val Thr
 65 70 75 80
 Asp Ile Asp Asp Lys Ile Leu Thr Lys Ala Ser Glu Asn Gly Arg Pro
 85 90 95
 Trp Trp Glu Trp Val Ser Thr Tyr Glu Arg Glu Phe Thr Trp Thr Tyr
 100 105 110
 Asn Thr Leu Gly Val Leu Pro Pro Ser Thr Glu Pro Arg Ala Thr Gly
 115 120 125
 His Val Thr Gln Met Ile Lys Tyr Met Gln Arg Leu Ile Asp Asn Gly

130		135		140
Phe Ala Tyr Ala Val Asp Gly Ser Val Tyr Phe Asp Val Ala Ala Trp				
145		150		155
Ser Lys Ala Glu Gly Ser Asp Tyr Gly Ser Leu Ser Gly Asn Arg Val				
		165		170
Glu Asp Met Glu Gln Gly Glu Pro Asp Asn Phe Gly Lys Arg Gly Pro				
		180		185
Gln Asp Phe Ala Leu Trp Lys Ala Ala Lys Pro Gly Glu Pro Ser Trp				
		195		200
Pro Thr Pro Trp Gly Asp Gly Arg Pro Gly Trp His Leu Glu Cys Ser				
		210		215
Ala Met Ala Thr Tyr Tyr Leu Gly Glu Gln Phe Asp Ile His Cys Gly				
		225		230
Gly Leu Asp Leu Gln Phe Pro His His Glu Asn Glu Ile Ala Gln Ala				
		245		250
His Ala Ala Gly Asp Lys Phe Ala Asn Tyr Trp Met His Asn His Trp				
		260		265
Val Thr Met Ala Gly Glu Lys Met Ser Lys Ser Leu Gly Asn Val Leu				
		275		280
Ala Val Pro Glu Met Leu Lys Gln Val Arg Pro Val Glu Leu Arg Tyr				
		290		295
Tyr Leu Gly Ser Ala His Tyr Arg Ser Val Leu Glu Tyr Ser Glu Ser				
		305		310
Ala Leu Ser Glu Ala Ala Val Gly Tyr Arg Arg Ile Glu Ser Phe Leu				
		325		330
Glu Arg Val Gly Asp Val Glu Val Gly Glu Trp Thr Pro Gly Phe Glu				
		340		345
Val Ala Met Asp Glu Asp Ile Ala Val Pro Lys Ala Leu Ala Glu Ile				
		355		360
His Asn Ala Val Arg Glu Gly Asn Ala Ala Leu Asp Lys Gly Asp Arg				
		370		375
Glu Ala Ala Glu Lys Leu Ala Ser Ser Val Arg Ala Met Thr Gly Val				
		385		390
Leu Gly Phe Asp Pro Val Glu Trp Gly Ser Asp Ala Gly Ala Asp Gly				
		405		410
Lys Ala Asp Lys Ala Leu Asp Val Leu Ile Ser Ser Glu Leu Glu Arg				
		420		425
Arg Ala Thr Ala Arg Ala Glu Lys Asn Trp Ala Val Ala Asp Glu Val				
		435		440
Arg Asp Arg Leu Ala Asp Ala Gly Ile Glu Val Val Asp Thr Ala Asp				
		450		455
Gly Ala Thr Trp Lys Leu Gln				
		465		470

```
<210> 11
<211> 1009
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
```

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(979)  
<223> RXA00458
```

<400>	11																	
cacccttgaa	aacctctctca	actatcccgg	agtgatcattc	tccaccgttc	aggagaaccc	60												
atccgaaaca	tggcggcaag	tgaacatcta	atctagaaac	atg	gca	gga	cga	tac								115		
				Met	Ala	Gly	Arg	Tyr										
				1				5										
gca	cca	tca	cca	agc	ggc	gac	ctt	cac	ttt	ggc	aac	ctc	cgc	aca	gca	163		
Ala	Pro	Ser	Pro	Ser	Gly	Asp	Leu	His	Phe	Gly	Asn	Leu	Arg	Thr	Ala			
				10					15					20				
ctg	ctg	gcc	tgg	ctg	ttc	gcg	cgc	tcc	gaa	gga	aaa	aaa	ttc	ctc	atg	211		
Leu	Leu	Ala	Trp	Leu	Phe	Ala	Arg	Ser	Glu	Gly	Lys	Lys	Phe	Leu	Met			
			25					30					35					
cgg	gtc	gaa	gac	atc	gat	gaa	caa	cgc	tca	tcc	aag	gaa	tcc	gcc	gaa	259		
Arg	Val	Glu	Asp	Ile	Asp	Glu	Gln	Arg	Ser	Ser	Lys	Glu	Ser	Ala	Glu			
		40					45					50						
agc	caa	ctc	gca	gac	cta	tcc	gcc	ctg	ggt	ctc	gat	tgg	gat	ggc	gac	307		
Ser	Gln	Leu	Ala	Asp	Leu	Ser	Ala	Leu	Gly	Leu	Asp	Trp	Asp	Gly	Asp			
		55				60					65							
gtc	ctc	tac	caa	tcc	aca	cgc	tac	gac	gcc	tac	cgc	gca	gcc	ctt	gaa	355		
Val	Leu	Tyr	Gln	Ser	Thr	Arg	Tyr	Asp	Ala	Tyr	Arg	Ala	Ala	Leu	Glu			
	70				75					80					85			
aaa	cta	gac	acc	tac	gaa	tgt	tat	tgc	tcg	cgc	cgg	gac	atc	caa	gaa	403		
Lys	Leu	Asp	Thr	Tyr	Glu	Cys	Tyr	Cys	Ser	Arg	Arg	Asp	Ile	Gln	Glu			
				90				95						100				
gcc	tcg	cgg	gca	ccc	cat	gtg	gct	ccg	gga	gtg	tat	ccg	gga	acg	tgt	451		
Ala	Ser	Arg	Ala	Pro	His	Val	Ala	Pro	Gly	Val	Tyr	Pro	Gly	Thr	Cys			
			105					110					115					
agg	gga	ttg	aag	gag	gag	gaa	cgc	gtc	gaa	aag	cgt	gca	acc	ttg	gct	499		
Arg	Gly	Leu	Lys	Glu	Glu	Glu	Arg	Val	Glu	Lys	Arg	Ala	Thr	Leu	Ala			
		120					125					130						
gcg	caa	aac	cgg	cac	ccc	gcc	atc	cgc	ctg	cgc	gcg	cag	gta	acc	tcg	547		
Ala	Gln	Asn	Arg	His	Pro	Ala	Ile	Arg	Leu	Arg	Ala	Gln	Val	Thr	Ser			
		135				140					145							
ttt	gat	ttt	cac	gac	cga	ctt	cgc	ggc	cca	caa	act	ggc	ccc	gta	gac	595		
Phe	Asp	Phe	His	Asp	Arg	Leu	Arg	Gly	Pro	Gln	Thr	Gly	Pro	Val	Asp			
	150				155					160					165			
gat	ttc	att	ctg	ctc	cgc	ggc	ggg	cag	gaa	ccc	gga	tgg	gca	tac	aac	643		
Asp	Phe	Ile	Leu	Leu	Arg	Gly	Gly	Gln	Glu	Pro	Gly	Trp	Ala	Tyr	Asn			
			170					175					180					
tta	gct	gtc	gtc	gtc	gac	gat	gcc	tac	caa	ggc	gtt	gac	cag	gta	gtc	691		
Leu	Ala	Val	Val	Val	Asp	Asp	Ala	Tyr	Gln	Gly	Val	Asp	Gln	Val	Val			

185	190	195	
cgc ggc gac gac cta ctc gat tcc gcc gcg cgc caa gcc tac ctc ggc			739
Arg Gly Asp Asp Leu Leu Asp Ser Ala Ala Arg Gln Ala Tyr Leu Gly			
200	205	210	
tcg ctg ctg ggc acc ccc gcg ccc gaa tac att cac gtg ccg ctc gtg			787
Ser Leu Leu Gly Thr Pro Ala Pro Glu Tyr Ile His Val Pro Leu Val			
215	220	225	
ctc aac gcc cac ggc cag cgc ctc gcc aaa cgc gac ggg gca gtg acg			835
Leu Asn Ala His Gly Gln Arg Leu Ala Lys Arg Asp Gly Ala Val Thr			
230	235	240	245
ctt aaa gaa atg ctt atc gac gcc ccc ctc cac acc att ttc tcc cgc			883
Leu Lys Glu Met Leu Ile Asp Ala Pro Leu His Thr Ile Phe Ser Arg			
250	255	260	
ctc gca tca tcg ctc ggc tac gaa ggg gta aat tcc gca ccc caa ttg			931
Leu Ala Ser Ser Leu Gly Tyr Glu Gly Val Asn Ser Ala Pro Gln Leu			
265	270	275	
ttg gaa att ttc gac ccc aca acc ctc agc cgg gag ccg ttt att tac			979
Leu Glu Ile Phe Asp Pro Thr Thr Leu Ser Arg Glu Pro Phe Ile Tyr			
280	285	290	
tgaggctcag agggaggggt cattccatct			1009

<210> 12

<211> 293

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 12

Met Ala Gly Arg Tyr Ala Pro Ser Pro Ser Gly Asp Leu His Phe Gly			
1	5	10	15
Asn Leu Arg Thr Ala Leu Leu Ala Trp Leu Phe Ala Arg Ser Glu Gly			
20	25	30	
Lys Lys Phe Leu Met Arg Val Glu Asp Ile Asp Glu Gln Arg Ser Ser			
35	40	45	
Lys Glu Ser Ala Glu Ser Gln Leu Ala Asp Leu Ser Ala Leu Gly Leu			
50	55	60	
Asp Trp Asp Gly Asp Val Leu Tyr Gln Ser Thr Arg Tyr Asp Ala Tyr			
65	70	75	80
Arg Ala Ala Leu Glu Lys Leu Asp Thr Tyr Glu Cys Tyr Cys Ser Arg			
85	90	95	
Arg Asp Ile Gln Glu Ala Ser Arg Ala Pro His Val Ala Pro Gly Val			
100	105	110	
Tyr Pro Gly Thr Cys Arg Gly Leu Lys Glu Glu Glu Arg Val Glu Lys			
115	120	125	
Arg Ala Thr Leu Ala Ala Gln Asn Arg His Pro Ala Ile Arg Leu Arg			
130	135	140	
Ala Gln Val Thr Ser Phe Asp Phe His Asp Arg Leu Arg Gly Pro Gln			

145									150									155									160
Thr	Gly	Pro	Val	Asp	Asp	Phe	Ile	Leu	Leu	Arg	Gly	Gly	Gln	Glu	Pro												
				165					170								175										
Gly	Trp	Ala	Tyr	Asn	Leu	Ala	Val	Val	Val	Asp	Asp	Ala	Tyr	Gln	Gly												
				180					185								190										
Val	Asp	Gln	Val	Val	Arg	Gly	Asp	Asp	Leu	Leu	Asp	Ser	Ala	Ala	Arg												
				195					200								205										
Gln	Ala	Tyr	Leu	Gly	Ser	Leu	Leu	Gly	Thr	Pro	Ala	Pro	Glu	Tyr	Ile												
				210					215								220										
His	Val	Pro	Leu	Val	Leu	Asn	Ala	His	Gly	Gln	Arg	Leu	Ala	Lys	Arg												
225					230								235														
Asp	Gly	Ala	Val	Thr	Leu	Lys	Glu	Met	Leu	Ile	Asp	Ala	Pro	Leu	His												
				245								250															
Thr	Ile	Phe	Ser	Arg	Leu	Ala	Ser	Ser	Leu	Gly	Tyr	Glu	Gly	Val	Asn												
				260								265															
Ser	Ala	Pro	Gln	Leu	Leu	Glu	Ile	Phe	Asp	Pro	Thr	Thr	Leu	Ser	Arg												
				275								280															
Glu	Pro	Phe	Ile	Tyr																							
				290																							

```
<210> 13
<211> 1744
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
```

```
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1714)
<223> RXA00493
```

[illegible]

Ala Gln Leu Val Lys Ser Val Ala Val Lys Thr Asn Asp Ile Ala Gly	
70 75 80 85	
gac ggc acc acg act gca act ctg ctt gct cag gca ctc att gct gaa	403
Asp Gly Thr Thr Thr Ala Thr Leu Leu Ala Gln Ala Leu Ile Ala Glu	
90 95 100	
ggc ctg cgc aac gtt gct gct ggc gca aac cca atg gag ctc aac aag	451
Gly Leu Arg Asn Val Ala Ala Gly Ala Asn Pro Met Glu Leu Asn Lys	
105 110 115	
ggt att tct gca gct gca gaa aag acc ttg gaa gag ttg aag gca cgc	499
Gly Ile Ser Ala Ala Ala Glu Lys Thr Leu Glu Glu Leu Lys Ala Arg	
120 125 130	
gca acc gag gtg tct gac acc aag gaa atc gca aac gtc gct acc gtt	547
Ala Thr Glu Val Ser Asp Thr Lys Glu Ile Ala Asn Val Ala Thr Val	
135 140 145	
tca tcc cgc gat gaa gtt gtc ggc gag atc gtt gct gca gcg atg gaa	595
Ser Ser Arg Asp Glu Val Val Gly Glu Ile Val Ala Ala Ala Met Glu	
150 155 160 165	
aag gtt ggc aag gac ggt gtc gtc acc gtt gag gag tcc cag tcc atc	643
Lys Val Gly Lys Asp Gly Val Val Thr Val Glu Glu Ser Gln Ser Ile	
170 175 180	
gag act gct ctc gag gtc acc gaa ggt att tct ttc gac aag ggc tac	691
Glu Thr Ala Leu Glu Val Thr Glu Gly Ile Ser Phe Asp Lys Gly Tyr	
185 190 195	
ctt tcc cct tat ttc atc aac gac aac gac act cag cag gct gtc ctg	739
Leu Ser Pro Tyr Phe Ile Asn Asp Asn Asp Thr Gln Gln Ala Val Leu	
200 205 210	
gac aac cct gca gtg ctg ctt gtt cgc aac aag att tct tcc ctc cca	787
Asp Asn Pro Ala Val Leu Leu Val Arg Asn Lys Ile Ser Ser Leu Pro	
215 220 225	
gac ttc ctc cca ttg ctg gag aag gtt gtg gag tcc aac cgt cct ttg	835
Asp Phe Leu Pro Leu Leu Glu Lys Val Val Glu Ser Asn Arg Pro Leu	
230 235 240 245	
ctg atc atc gca gaa gac gtc gag ggc gag cct ttg cag acc ctg gtt	883
Leu Ile Ile Ala Glu Asp Val Glu Gly Glu Pro Leu Gln Thr Leu Val	
250 255 260	
gtg aac tcc atc cgc aag acc atc aag gtc gtt gca gtg aag tcc cct	931
Val Asn Ser Ile Arg Lys Thr Ile Lys Val Val Ala Val Lys Ser Pro	
265 270 275	
tac ttc ggt gac cga cgc aag gcg ttc atg gat gac ctg gct att gtc	979
Tyr Phe Gly Asp Arg Arg Lys Ala Phe Met Asp Asp Leu Ala Ile Val	
280 285 290	
acc aag gca act gtc gtg gat cca gaa gtg ggc atc aac ctc aac gaa	1027
Thr Lys Ala Thr Val Val Asp Pro Glu Val Gly Ile Asn Leu Asn Glu	
295 300 305	
gct ggc gaa gaa gtt ttc ggt acc gca cgc cgc atc acc gtt tcc aag	1075
Ala Gly Glu Glu Val Phe Gly Thr Ala Arg Arg Ile Thr Val Ser Lys	
310 315 320 325	
gac gaa acc atc atc gtt gat ggt gca ggt tcc gca gaa gac gtt gaa	1123

```

Asp Glu Thr Ile Ile Val Asp Gly Ala Gly Ser Ala Glu Asp Val Glu
              330              335              340

gca cgt cgc ggc cag atc cgt cgc gaa atc gcc aac acc gat tcc acc 1171
Ala Arg Arg Gly Gln Ile Arg Arg Glu Ile Ala Asn Thr Asp Ser Thr
              345              350              355

tgg gat cgc gaa aag gca gaa gag cgt ttg gct aag ctc tcc ggt ggt 1219
Trp Asp Arg Glu Lys Ala Glu Glu Arg Leu Ala Lys Leu Ser Gly Gly
              360              365              370

att gct gtc atc cgc gtt ggt gca gca act gaa acc gaa gtc aac gac 1267
Ile Ala Val Ile Arg Val Gly Ala Ala Thr Glu Thr Glu Val Asn Asp
              375              380              385

cgc aag ctg cgt gtc gaa gat gcc atc aac gct gct cgc gca gca gca 1315
Arg Lys Leu Arg Val Glu Asp Ala Ile Asn Ala Ala Arg Ala Ala Ala
              390              395              400              405

caa gaa ggc gtt atc gct ggt ggc ggt tcc gct ttg gtt cag atc gct 1363
Gln Glu Gly Val Ile Ala Gly Gly Gly Ser Ala Leu Val Gln Ile Ala
              410              415              420

gag act ctg aag gct tac gcc gaa gag ttc gaa ggc gac cag aag gtc 1411
Glu Thr Leu Lys Ala Tyr Ala Glu Glu Phe Glu Gly Asp Gln Lys Val
              425              430              435

ggc gtt cgc gca ctg gct act gct ttg ggc aag cca gcg tac tgg atc 1459
Gly Val Arg Ala Leu Ala Thr Ala Leu Gly Lys Pro Ala Tyr Trp Ile
              440              445              450

gcc tcc aac gca ggt ctt gac ggc tct gtt gtt gtt gca cgc act gct 1507
Ala Ser Asn Ala Gly Leu Asp Gly Ser Val Val Val Ala Arg Thr Ala
              455              460              465

gct ctg cca aac ggc gag ggc ttc aac gct gca act ttg gaa tac gga 1555
Ala Leu Pro Asn Gly Glu Gly Phe Asn Ala Ala Thr Leu Glu Tyr Gly
              470              475              480              485

aac ctg atc aac gac ggt gtc atc gac cca gtc aag gtc acc cat tcc 1603
Asn Leu Ile Asn Asp Gly Val Ile Asp Pro Val Lys Val Thr His Ser
              490              495              500

gca gta gtg aat gca acc tct gtt gca cgc atg gtt ctg acc act gag 1651
Ala Val Val Asn Ala Thr Ser Val Ala Arg Met Val Leu Thr Thr Glu
              505              510              515

gct tct gtt gtt gag aag cct gca gaa gaa gca gcc gat gca cat gca 1699
Ala Ser Val Val Glu Lys Pro Ala Glu Glu Ala Ala Asp Ala His Ala
              520              525              530

gga cat cat cac cac taaagttctg tgaaaaaacac cgtggggcag 1744
Gly His His His
              535

```

<210> 14

<211> 538

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 14

Met Ala Lys Leu Ile Ala Phe Asp Gln Asp Ala Arg Glu Gly Ile Leu
 1 5 10 15
 Arg Gly Val Asp Ala Leu Ala Asn Ala Val Lys Val Thr Leu Gly Pro
 20 25 30
 Arg Gly Arg Asn Val Val Leu Asp Lys Ala Phe Gly Gly Pro Leu Val
 35 40 45
 Thr Asn Asp Gly Val Thr Ile Ala Arg Asp Ile Asp Leu Glu Asp Pro
 50 55 60
 Phe Glu Asn Leu Gly Ala Gln Leu Val Lys Ser Val Ala Val Lys Thr
 65 70 75 80
 Asn Asp Ile Ala Gly Asp Gly Thr Thr Thr Ala Thr Leu Leu Ala Gln
 85 90 95
 Ala Leu Ile Ala Glu Gly Leu Arg Asn Val Ala Ala Gly Ala Asn Pro
 100 105 110
 Met Glu Leu Asn Lys Gly Ile Ser Ala Ala Ala Glu Lys Thr Leu Glu
 115 120 125
 Glu Leu Lys Ala Arg Ala Thr Glu Val Ser Asp Thr Lys Glu Ile Ala
 130 135 140
 Asn Val Ala Thr Val Ser Ser Arg Asp Glu Val Val Gly Glu Ile Val
 145 150 155 160
 Ala Ala Ala Met Glu Lys Val Gly Lys Asp Gly Val Val Thr Val Glu
 165 170 175
 Glu Ser Gln Ser Ile Glu Thr Ala Leu Glu Val Thr Glu Gly Ile Ser
 180 185 190
 Phe Asp Lys Gly Tyr Leu Ser Pro Tyr Phe Ile Asn Asp Asn Asp Thr
 195 200 205
 Gln Gln Ala Val Leu Asp Asn Pro Ala Val Leu Leu Val Arg Asn Lys
 210 215 220
 Ile Ser Ser Leu Pro Asp Phe Leu Pro Leu Leu Glu Lys Val Val Glu
 225 230 235 240
 Ser Asn Arg Pro Leu Leu Ile Ile Ala Glu Asp Val Glu Gly Glu Pro
 245 250 255
 Leu Gln Thr Leu Val Val Asn Ser Ile Arg Lys Thr Ile Lys Val Val
 260 265 270
 Ala Val Lys Ser Pro Tyr Phe Gly Asp Arg Arg Lys Ala Phe Met Asp
 275 280 285
 Asp Leu Ala Ile Val Thr Lys Ala Thr Val Val Asp Pro Glu Val Gly
 290 295 300
 Ile Asn Leu Asn Glu Ala Gly Glu Glu Val Phe Gly Thr Ala Arg Arg
 305 310 315 320
 Ile Thr Val Ser Lys Asp Glu Thr Ile Ile Val Asp Gly Ala Gly Ser
 325 330 335
 Ala Glu Asp Val Glu Ala Arg Arg Gly Gln Ile Arg Arg Glu Ile Ala

340	345	350
Asn Thr Asp Ser Thr Trp Asp Arg Glu Lys Ala Glu Glu Arg Leu Ala		
355	360	365
Lys Leu Ser Gly Gly Ile Ala Val Ile Arg Val Gly Ala Ala Thr Glu		
370	375	380
Thr Glu Val Asn Asp Arg Lys Leu Arg Val Glu Asp Ala Ile Asn Ala		
385	390	395
Ala Arg Ala Ala Ala Gln Glu Gly Val Ile Ala Gly Gly Gly Ser Ala		
405	410	415
Leu Val Gln Ile Ala Glu Thr Leu Lys Ala Tyr Ala Glu Glu Phe Glu		
420	425	430
Gly Asp Gln Lys Val Gly Val Arg Ala Leu Ala Thr Ala Leu Gly Lys		
435	440	445
Pro Ala Tyr Trp Ile Ala Ser Asn Ala Gly Leu Asp Gly Ser Val Val		
450	455	460
Val Ala Arg Thr Ala Ala Leu Pro Asn Gly Glu Gly Phe Asn Ala Ala		
465	470	475
Thr Leu Glu Tyr Gly Asn Leu Ile Asn Asp Gly Val Ile Asp Pro Val		
485	490	495
Lys Val Thr His Ser Ala Val Val Asn Ala Thr Ser Val Ala Arg Met		
500	505	510
Val Leu Thr Thr Glu Ala Ser Val Val Glu Lys Pro Ala Glu Glu Ala		
515	520	525
Ala Asp Ala His Ala Gly His His His His		
530	535	

<210> 15
 <211> 652
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(622)
 <223> RXA00588

<400> 15
 tcatacatct tggccccgga aaaccggggc caatcttatg gctcaagtcg ctagttagcc 60
 gatgatccac ctctactgtt ccccaggagg gtaagtaatt atg gca agt gta gat 115
 Met Ala Ser Val Asp
 1 5
 aag caa tac atc acc cca gaa acc aag gcc aag ctg gag gaa gag ctc 163
 Lys Gln Tyr Ile Thr Pro Glu Thr Lys Ala Lys Leu Glu Glu Glu Leu
 10 15 20
 aac gcc ctc atc gca cac cgc cct gca gtt gct gcg gaa atc aat gag 211
 Asn Ala Leu Ile Ala His Arg Pro Ala Val Ala Ala Glu Ile Asn Glu
 25 30 35

```

cgc cgt gaa gaa ggc gac ctc aag gaa aac gct ggc tat gac gcc gct 259
Arg Arg Glu Glu Gly Asp Leu Lys Glu Asn Ala Gly Tyr Asp Ala Ala
      40              45              50

cgt gaa atg cag gac cag gaa gag gcc cgc atc aag cag atc tct gag 307
Arg Glu Met Gln Asp Gln Glu Glu Ala Arg Ile Lys Gln Ile Ser Glu
      55              60              65

ctg ctg gcc aac tcc acc act gag cgc gaa ggc atc atc gaa ggt gtc 355
Leu Leu Ala Asn Ser Thr Thr Glu Arg Glu Gly Ile Ile Glu Gly Val
      70              75              80              85

gca aac gtt ggc tcc gtt gtt cac gtc tac tac gac ggc gac gag aac 403
Ala Asn Val Gly Ser Val Val His Val Tyr Tyr Asp Gly Asp Glu Asn
      90              95              100

gac aag gaa acc ttc ctc atc ggt acc cgt gct ggc gct tcc gag aac 451
Asp Lys Glu Thr Phe Leu Ile Gly Thr Arg Ala Gly Ala Ser Glu Asn
      105              110              115

cca gat ctt gag acc tac tct gag cag tcc cca ctc ggc gct gca att 499
Pro Asp Leu Glu Thr Tyr Ser Glu Gln Ser Pro Leu Gly Ala Ala Ile
      120              125              130

ctc gga gct cag gaa ggc gac acc cgt cag tac acc gct cca aat ggt 547
Leu Gly Ala Gln Glu Gly Asp Thr Arg Gln Tyr Thr Ala Pro Asn Gly
      135              140              145

tcc gtt atc tcc gta act gtt gtt tct gca gaa cca tac aac tca gca 595
Ser Val Ile Ser Val Thr Val Val Ser Ala Glu Pro Tyr Asn Ser Ala
      150              155              160              165

aaa gcc gcg aca ctc cgc ggc aaa aac taaccaagga tttaaaagtc 642
Lys Ala Ala Thr Leu Arg Gly Lys Asn
      170

ttcaaaatga 652

```

<210> 16
 <211> 174
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

```

<400> 16
Met Ala Ser Val Asp Lys Gln Tyr Ile Thr Pro Glu Thr Lys Ala Lys
 1              5              10              15

Leu Glu Glu Glu Leu Asn Ala Leu Ile Ala His Arg Pro Ala Val Ala
      20              25              30

Ala Glu Ile Asn Glu Arg Arg Glu Glu Gly Asp Leu Lys Glu Asn Ala
      35              40              45

Gly Tyr Asp Ala Ala Arg Glu Met Gln Asp Gln Glu Glu Ala Arg Ile
      50              55              60

Lys Gln Ile Ser Glu Leu Leu Ala Asn Ser Thr Thr Glu Arg Glu Gly
      65              70              75              80

Ile Ile Glu Gly Val Ala Asn Val Gly Ser Val Val His Val Tyr Tyr
      85              90              95

```

Asp	Gly	Asp	Glu	Asn	Asp	Lys	Glu	Thr	Phe	Leu	Ile	Gly	Thr	Arg	Ala	
			100					105					110			
Gly	Ala	Ser	Glu	Asn	Pro	Asp	Leu	Glu	Thr	Tyr	Ser	Glu	Gln	Ser	Pro	
		115					120					125				
Leu	Gly	Ala	Ala	Ile	Leu	Gly	Ala	Gln	Glu	Gly	Asp	Thr	Arg	Gln	Tyr	
	130					135					140					
Thr	Ala	Pro	Asn	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	Val	Thr	Val	Val	Ser	Ala	Glu	
145					150					155					160	
Pro	Tyr	Asn	Ser	Ala	Lys	Ala	Ala	Thr	Leu	Arg	Gly	Lys	Asn			
				165					170							

<210> 17

<211> 1012

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(982)

<223> RXA00669

<400> 17

tttactgcgg gcattttacg tatctgcacc ccgcccggct gcgctgagca gccgtaaagc 60

gtggggcgtg	acgtcgaaaa	gcaaaaaatg	aaaggcagac	atg	gac	aat	tca	acg		115
				Met	Asp	Asn	Ser	Thr		
				1				5		

gtg	cga	atc	cgg	ctg	gat	cta	gcg	tat	gac	ggc	acg	gat	ttt	cat	ggc	163
Val	Arg	Ile	Arg	Leu	Asp	Leu	Ala	Tyr	Asp	Gly	Thr	Asp	Phe	His	Gly	
				10				15						20		

tgg	gcg	aag	cag	ggg	acc	agc	gat	cta	cg	acc	gtg	caa	aaa	gtg	ttg	211
Trp	Ala	Lys	Gln	Gly	Thr	Ser	Asp	Leu	Arg	Thr	Val	Gln	Lys	Val	Leu	
			25					30					35			

gaa	gac	aat	ttg	agc	atg	gtg	ctg	cgt	gag	act	ggt	gaa	ttg	act	gtg	259
Glu	Asp	Asn	Leu	Ser	Met	Val	Leu	Arg	Glu	Thr	Val	Glu	Leu	Thr	Val	
		40					45					50				

gcc	ggg	cga	acc	gat	gcg	ggg	gtg	cat	gcg	gcg	ggc	cag	gtg	gcg	cac	307
Ala	Gly	Arg	Thr	Asp	Ala	Gly	Val	His	Ala	Ala	Gly	Gln	Val	Ala	His	
	55					60					65					

ttt	gat	att	ccg	gca	cac	gct	tta	gag	cag	cg	agt	att	gat	ggc	gat	355
Phe	Asp	Ile	Pro	Ala	His	Ala	Leu	Glu	Gln	Arg	Ser	Ile	Asp	Gly	Asp	
	70				75				80						85	

cca	agc	aag	ttg	gtt	cgg	cg	ttg	ggt	cgg	ttg	ctg	ccc	gat	gat	att	403
Pro	Ser	Lys	Leu	Val	Arg	Arg	Leu	Gly	Arg	Leu	Leu	Pro	Asp	Asp	Ile	
				90				95						100		

cgg	gtg	cat	ggc	gta	cgt	ttt	gcc	gag	ccc	ggg	ttt	gat	gcg	cga	ttt	451
Arg	Val	His	Gly	Val	Arg	Phe	Ala	Glu	Pro	Gly	Phe	Asp	Ala	Arg	Phe	
			105				110						115			

tcc	gcg	atg	cg	agg	cac	tac	gtt	tat	cg	att	acg	acg	cat	ccc	gcc	499
Ser	Ala	Met	Arg	Arg	His	Tyr	Val	Tyr	Arg	Ile	Thr	Thr	His	Pro	Ala	

120	125	130	
ggc gcg ctg cct acg cgc cgc cac gac acg gcg cag tgg cca aaa cct			547
Gly Ala Leu Pro Thr Arg Arg His Asp Thr Ala Gln Trp Pro Lys Pro			
135	140	145	
gtc gaa cta gag cgg atg caa tta gcc gcc gat gca ctg ctg ggg ctg			595
Val Glu Leu Glu Arg Met Gln Leu Ala Ala Asp Ala Leu Leu Gly Leu			
150	155	160	165
cat gat ttt gtg gcg ttt tgc aaa gct aag cca cat gcg acg acg gtg			643
His Asp Phe Val Ala Phe Cys Lys Ala Lys Pro His Ala Thr Thr Val			
170	175	180	
cgt gaa cta caa aaa ttt gcg tgg aaa gac gtc tcc act gac atc gaa			691
Arg Glu Leu Gln Lys Phe Ala Trp Lys Asp Val Ser Thr Asp Ile Glu			
185	190	195	
ccg cag gtg tat gaa gca cac gtg gtg gcc gat gct ttt tgc tgg tcg			739
Pro Gln Val Tyr Glu Ala His Val Val Ala Asp Ala Phe Cys Trp Ser			
200	205	210	
atg gtg cgc tcg ctg gtc ggc tcc tgc atg gcc gtg ggc gaa gga cgc			787
Met Val Arg Ser Leu Val Gly Ser Cys Met Ala Val Gly Glu Gly Arg			
215	220	225	
cgc gga tca ggg ttt act gca gaa ttg ctt gat gca agc gaa cgc agc			835
Arg Gly Ser Gly Phe Thr Ala Glu Leu Leu Asp Ala Ser Glu Arg Ser			
230	235	240	245
ccc atg gtt cca gta gca cct gcg aaa ggt ttg agc ttg gtt ggc gtg			883
Pro Met Val Pro Val Ala Pro Ala Lys Gly Leu Ser Leu Val Gly Val			
250	255	260	
gat tat cct tcc gct gat aag tta cag gaa aga gcg ctg gaa acc cga			931
Asp Tyr Pro Ser Ala Asp Lys Leu Gln Glu Arg Ala Leu Glu Thr Arg			
265	270	275	
gct gtt cgc gag ttt ccg gac gcg tcc gcg agc cta aaa cta gat gat			979
Ala Val Arg Glu Phe Pro Asp Ala Ser Ala Ser Leu Lys Leu Asp Asp			
280	285	290	
gag taaaaggac taaactcgtc tctogtatct			1012
Glu			

<210> 18

<211> 294

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 18

Met	Asp	Asn	Ser	Thr	Val	Arg	Ile	Arg	Leu	Asp	Leu	Ala	Tyr	Asp	Gly
1				5					10					15	

Thr	Asp	Phe	His	Gly	Trp	Ala	Lys	Gln	Gly	Thr	Ser	Asp	Leu	Arg	Thr
			20					25					30		

Val	Gln	Lys	Val	Leu	Glu	Asp	Asn	Leu	Ser	Met	Val	Leu	Arg	Glu	Thr
		35						40				45			

Val	Glu	Leu	Thr	Val	Ala	Gly	Arg	Thr	Asp	Ala	Gly	Val	His	Ala	Ala
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

50 55 60
 Gly Gln Val Ala His Phe Asp Ile Pro Ala His Ala Leu Glu Gln Arg
 65 70 75 80
 Ser Ile Asp Gly Asp Pro Ser Lys Leu Val Arg Arg Leu Gly Arg Leu
 85 90 95
 Leu Pro Asp Asp Ile Arg Val His Gly Val Arg Phe Ala Glu Pro Gly
 100 105 110
 Phe Asp Ala Arg Phe Ser Ala Met Arg Arg His Tyr Val Tyr Arg Ile
 115 120 125
 Thr Thr His Pro Ala Gly Ala Leu Pro Thr Arg Arg His Asp Thr Ala
 130 135 140
 Gln Trp Pro Lys Pro Val Glu Leu Glu Arg Met Gln Leu Ala Ala Asp
 145 150 155 160
 Ala Leu Leu Gly Leu His Asp Phe Val Ala Phe Cys Lys Ala Lys Pro
 165 170 175
 His Ala Thr Thr Val Arg Glu Leu Gln Lys Phe Ala Trp Lys Asp Val
 180 185 190
 Ser Thr Asp Ile Glu Pro Gln Val Tyr Glu Ala His Val Val Ala Asp
 195 200 205
 Ala Phe Cys Trp Ser Met Val Arg Ser Leu Val Gly Ser Cys Met Ala
 210 215 220
 Val Gly Glu Gly Arg Arg Gly Ser Gly Phe Thr Ala Glu Leu Leu Asp
 225 230 235 240
 Ala Ser Glu Arg Ser Pro Met Val Pro Val Ala Pro Ala Lys Gly Leu
 245 250 255
 Ser Leu Val Gly Val Asp Tyr Pro Ser Ala Asp Lys Leu Gln Glu Arg
 260 265 270
 Ala Leu Glu Thr Arg Ala Val Arg Glu Phe Pro Asp Ala Ser Ala Ser
 275 280 285
 Leu Lys Leu Asp Asp Glu
 290

<210> 19

<211> 3022

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2992)

<223> RXA01061

<400> 19

cgagacaaga ctgagcagtc cgacggcgat aagcagtggg ttccacataa ttcttcaagt 60

ctatctactt attgagggga ggaagaattg ccctccacac atg aga tgt ccc gtg 115

Met Arg Cys Pro Val

1

5

tac cta cta cac tgt tta acc atg act aac ccg agc gaa ggc acc act	163
Tyr Leu Leu His Cys Leu Thr Met Thr Asn Pro Ser Glu Gly Thr Thr	
10 15 20	
ccc ctg gcg ttc cgt tat acc ccg gaa ctc gcc aac aag atc gaa ggt	211
Pro Leu Ala Phe Arg Tyr Thr Pro Glu Leu Ala Asn Lys Ile Glu Gly	
25 30 35	
gag tgg cag aat tac tgg act gac aac ggc aca ttc aac gca ccc aac	259
Glu Trp Gln Asn Tyr Trp Thr Asp Asn Gly Thr Phe Asn Ala Pro Asn	
40 45 50	
cca gtg ggt gat tta gcg cct gcg gac ggt aaa gca ctt cct gag gac	307
Pro Val Gly Asp Leu Ala Pro Ala Asp Gly Lys Ala Leu Pro Glu Asp	
55 60 65	
aag ctc ttt gtc cag gat atg ttc ccg tac cca tcc gga gct ggc ctg	355
Lys Leu Phe Val Gln Asp Met Phe Pro Tyr Pro Ser Gly Ala Gly Leu	
70 75 80 85	
cac gta ggc cac cca ctc ggt tac atc gca acg gat gtt ttc gcc cgc	403
His Val Gly His Pro Leu Gly Tyr Ile Ala Thr Asp Val Phe Ala Arg	
90 95 100	
tac aac cgc atg ctg ggc aag aac gtt ctg cac acc ttg ggc tat gac	451
Tyr Asn Arg Met Leu Gly Lys Asn Val Leu His Thr Leu Gly Tyr Asp	
105 110 115	
gcc ttc gga ctg cca gca gag cag tac gcg atc caa acc ggt aca cac	499
Ala Phe Gly Leu Pro Ala Glu Gln Tyr Ala Ile Gln Thr Gly Thr His	
120 125 130	
cca cgc acc acc acc atg gcc aac att gag aac atg aag cgc cag ctc	547
Pro Arg Thr Thr Thr Met Ala Asn Ile Glu Asn Met Lys Arg Gln Leu	
135 140 145	
ggt gcg ctg ggt ctt ggc cat gat tcc cgt cgt gcg gtg gcc acc acg	595
Gly Ala Leu Gly Leu Gly His Asp Ser Arg Arg Ala Val Ala Thr Thr	
150 155 160 165	
gat cct gag ttc tac aag tgg act cag tgg atc ttc ctg cag att ttc	643
Asp Pro Glu Phe Tyr Lys Trp Thr Gln Trp Ile Phe Leu Gln Ile Phe	
170 175 180	
aat tcg tgg ttc gat gca gag cag cag aag gca cgt ccc atc agt gag	691
Asn Ser Trp Phe Asp Ala Glu Gln Gln Lys Ala Arg Pro Ile Ser Glu	
185 190 195	
ctg att ccg ttg ctg gag tcc ggc gag ctg aag act aag gac ggg gcg	739
Leu Ile Pro Leu Leu Glu Ser Gly Glu Leu Lys Thr Lys Asp Gly Ala	
200 205 210	
gat tac aac gcg ctg gga gac gtc gaa aag caa aaa gcg gtg gat gac	787
Asp Tyr Asn Ala Leu Gly Asp Val Glu Lys Gln Lys Ala Val Asp Asp	
215 220 225	
tac cgc ctt gtt tat cgc tcg aac tcc acc gtg aac tgg tgc cca ggc	835
Tyr Arg Leu Val Tyr Arg Ser Asn Ser Thr Val Asn Trp Cys Pro Gly	
230 235 240 245	
ttg ggc acc gtg ttg gca aac gag gaa gtg acc gcg gac ggc cgt tcc	883
Leu Gly Thr Val Leu Ala Asn Glu Glu Val Thr Ala Asp Gly Arg Ser	
250 255 260	

gag cgt ggc aat ttc cct gtt ttc cgt aag aat ttg tcc cag tgg atg	931
Glu Arg Gly Asn Phe Pro Val Phe Arg Lys Asn Leu Ser Gln Trp Met	
265 270 275	
atg cgc att acc gcg tac tcg gat cgt ctg atc gat gat ctg gag ctg	979
Met Arg Ile Thr Ala Tyr Ser Asp Arg Leu Ile Asp Asp Leu Glu Leu	
280 285 290	
ctc gat tgg act gag aag gtc aag tcc atg cag cgt aac tgg att ggc	1027
Leu Asp Trp Thr Glu Lys Val Lys Ser Met Gln Arg Asn Trp Ile Gly	
295 300 305	
cgt tcc cgc ggc gct gaa gtt gat ttc agt gca gag ggc gaa acc gtc	1075
Arg Ser Arg Gly Ala Glu Val Asp Phe Ser Ala Glu Gly Glu Thr Val	
310 315 320 325	
acc gtg ttt acc acc cgc cca gat act ctg ttc ggc gcg acc tac atg	1123
Thr Val Phe Thr Thr Arg Pro Asp Thr Leu Phe Gly Ala Thr Tyr Met	
330 335 340	
gtt ctt gca cct gag cat gag ctg gtc gac gtg ctg ctg gag aag gct	1171
Val Leu Ala Pro Glu His Glu Leu Val Asp Val Leu Leu Glu Lys Ala	
345 350 355	
ggt tcc tac gag ggc gtt gat gcc cgt tgg acc aat ggc cag gcg agc	1219
Gly Ser Tyr Glu Gly Val Asp Ala Arg Trp Thr Asn Gly Gln Ala Ser	
360 365 370	
cct gcg gaa gct gtc gct gca tac cgc gcc tcc atc gcc gcg aag tcc	1267
Pro Ala Glu Ala Val Ala Ala Tyr Arg Ala Ser Ile Ala Ala Lys Ser	
375 380 385	
gac ctg gag cgt cag gaa aac aag gaa aag acc ggc gtc ttc ctg ggc	1315
Asp Leu Glu Arg Gln Glu Asn Lys Glu Lys Thr Gly Val Phe Leu Gly	
390 395 400 405	
gtt tac gcg acc aac cca gtc aac ggc gat cag atc aca gtg ttc atc	1363
Val Tyr Ala Thr Asn Pro Val Asn Gly Asp Gln Ile Thr Val Phe Ile	
410 415 420	
gct gac tac gtt ctg acc ggc tac ggc acc ggc gcc atc atg gcg gtt	1411
Ala Asp Tyr Val Leu Thr Gly Tyr Gly Thr Gly Ala Ile Met Ala Val	
425 430 435	
cct gct cac gac gag cgc gac tac gaa ttc gcc acc gtt ttg ggt ctg	1459
Pro Ala His Asp Glu Arg Asp Tyr Glu Phe Ala Thr Val Leu Gly Leu	
440 445 450	
cct atc aag gaa gtt gtc gca ggt ggc aac atc gaa gag gct gct ttc	1507
Pro Ile Lys Glu Val Val Ala Gly Gly Asn Ile Glu Glu Ala Ala Phe	
455 460 465	
acc gaa tct ggc gaa gca gtc aac tct gcg aac gac aac ggc ctg gat	1555
Thr Glu Ser Gly Glu Ala Val Asn Ser Ala Asn Asp Asn Gly Leu Asp	
470 475 480 485	
atc aac ggc ctt gcc aag gat gag gct att gcc aag acc atc gaa tgg	1603
Ile Asn Gly Leu Ala Lys Asp Glu Ala Ile Ala Lys Thr Ile Glu Trp	
490 495 500	
ttg gaa gaa aag gaa ctt ggc cgc ggc acc atc cag tac aag ctg cgc	1651
Leu Glu Glu Lys Glu Leu Gly Arg Gly Thr Ile Gln Tyr Lys Leu Arg	
505 510 515	

gac tgg ctg ttc gct cgc cag cgt tac tgg ggc gag cct ttc cca atc	1699
Asp Trp Leu Phe Ala Arg Gln Arg Tyr Trp Gly Glu Pro Phe Pro Ile	
520 525 530	
gtc tac gac gaa aac ggc caa gca cat gct ctg cca gac tcc atg ctt	1747
Val Tyr Asp Glu Asn Gly Gln Ala His Ala Leu Pro Asp Ser Met Leu	
535 540 545	
cca gtc gag ctg cca gag gta gag gac tac aag cct gtc tcc ttc gac	1795
Pro Val Glu Leu Pro Glu Val Glu Asp Tyr Lys Pro Val Ser Phe Asp	
550 555 560 565	
cct gaa gac gca gac tcc gag cct tcc cca cca ctg gct aag gcc cgc	1843
Pro Glu Asp Ala Asp Ser Glu Pro Ser Pro Pro Leu Ala Lys Ala Arg	
570 575 580	
gaa tgg gtt gag gtg gaa ctc gat ctc ggc gat ggc aag aag aag tac	1891
Glu Trp Val Glu Val Glu Leu Asp Leu Gly Asp Gly Lys Lys Lys Tyr	
585 590 595	
acc cgc gac acc aac gtc atg cca cag tgg gca ggt tcc tcc tgg tac	1939
Thr Arg Asp Thr Asn Val Met Pro Gln Trp Ala Gly Ser Ser Trp Tyr	
600 605 610	
cag ctg cgc tac gtc gat cca agc aac gat gag cag ttc tgc aac atc	1987
Gln Leu Arg Tyr Val Asp Pro Ser Asn Asp Glu Gln Phe Cys Asn Ile	
615 620 625	
gaa aat gaa cgc tac tgg acc ggc cca cgc cca gaa acc cac gga cca	2035
Glu Asn Glu Arg Tyr Trp Thr Gly Pro Arg Pro Glu Thr His Gly Pro	
630 635 640 645	
aac gat cca ggc ggc gta gac ctc tac gtc ggt ggc gtc gag cac gca	2083
Asn Asp Pro Gly Gly Val Asp Leu Tyr Val Gly Gly Val Glu His Ala	
650 655 660	
gtt ctc cac ctg ctc tac gca cgt ttc tgg cac aag gtc ctc ttc gac	2131
Val Leu His Leu Leu Tyr Ala Arg Phe Trp His Lys Val Leu Phe Asp	
665 670 675	
ctg ggc cac gtc tcc tcc aag gag cca tac cgt cgc ctg tac aac cag	2179
Leu Gly His Val Ser Ser Lys Glu Pro Tyr Arg Arg Leu Tyr Asn Gln	
680 685 690	
ggc tac atc cag gcc ttc gcc tac acc gat tcc cgt ggc gtc tac gtg	2227
Gly Tyr Ile Gln Ala Phe Ala Tyr Thr Asp Ser Arg Gly Val Tyr Val	
695 700 705	
cct gcc gat gat gtc gaa gag aag gac gga aag ttc ttc tac cag ggc	2275
Pro Ala Asp Asp Val Glu Glu Lys Asp Gly Lys Phe Phe Tyr Gln Gly	
710 715 720 725	
gaa gaa gtc aac cag gaa tac gga aag atg ggc aag tcc ctg aag aac	2323
Glu Glu Val Asn Gln Glu Tyr Gly Lys Met Gly Lys Ser Leu Lys Asn	
730 735 740	
gcc gtt gcc cca gac gat atc tgc aac aac ttc ggt gct gac acc ctg	2371
Ala Val Ala Pro Asp Asp Ile Cys Asn Asn Phe Gly Ala Asp Thr Leu	
745 750 755	
cgc gtt tac gag atg gcc atg gga cct ttg gac acc tcc cgt cca tgg	2419
Arg Val Tyr Glu Met Ala Met Gly Pro Leu Asp Thr Ser Arg Pro Trp	
760 765 770	

```

gca acc aag gac gtc gtc ggt gcg cag cgc ttc ctc cag cgt ctg tgg 2467
Ala Thr Lys Asp Val Val Gly Ala Gln Arg Phe Leu Gln Arg Leu Trp
775 780 785

cgt ctc gtc gtc gat gaa aac acc ggc gaa gtg ctc act cgc gat gaa 2515
Arg Leu Val Val Asp Glu Asn Thr Gly Glu Val Leu Thr Arg Asp Glu
790 795 800 805

gtc ctc acc gac gat gac aac aag caa ctg cac cgc acc atc gca ggc 2563
Val Leu Thr Asp Asp Asp Asn Lys Gln Leu His Arg Thr Ile Ala Gly
810 815 820

gtc cgc gac gac tac acc aac ttg cgc gtt aac acc gtg gtt gcc aag 2611
Val Arg Asp Asp Tyr Thr Asn Leu Arg Val Asn Thr Val Val Ala Lys
825 830 835

ctc atc gaa tac gtc aac tac ctg acc aaa aca tac cca gac acc atc 2659
Leu Ile Glu Tyr Val Asn Tyr Leu Thr Lys Thr Tyr Pro Asp Thr Ile
840 845 850

cca gct ggc gca gtc ctg cca ctg atc gtc atg gtc tcc cct atc gca 2707
Pro Ala Gly Ala Val Leu Pro Leu Ile Val Met Val Ser Pro Ile Ala
855 860 865

cca cac atc gcg gag gaa ctc tgg aag aag ctc ggc cac gac gac acc 2755
Pro His Ile Ala Glu Glu Leu Trp Lys Lys Leu Gly His Asp Asp Thr
870 875 880 885

gtc acc tac gaa cca ttc ccc acc ttt gag gaa aaa tgg ctc acc gac 2803
Val Thr Tyr Glu Pro Phe Pro Thr Phe Glu Glu Lys Trp Leu Thr Asp
890 895 900

gat gaa atc gaa ctg cca gtc cag gtc aac ggc aag gtc cgc ggt cgc 2851
Asp Glu Ile Glu Leu Pro Val Gln Val Asn Gly Lys Val Arg Gly Arg
905 910 915

atc acc gtt gca gcc gac gcc agc cag gag cag gtc atc gag gca gcg 2899
Ile Thr Val Ala Ala Asp Ala Ser Gln Glu Gln Val Ile Glu Ala Ala
920 925 930

ctt gcc gac gag aag gtg cag gag caa atc tcc ggc aag aac ctg atc 2947
Leu Ala Asp Glu Lys Val Gln Glu Gln Ile Ser Gly Lys Asn Leu Ile
935 940 945

aag cag atc gtt gtt cca gga cgc atg gtt aac ctt gtg gtg aag 2992
Lys Gln Ile Val Val Pro Gly Arg Met Val Asn Leu Val Val Lys
950 955 960

taatccccct cggtttagat tcccctagaa 3022

```

<210> 20

<211> 964

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 20

```

Met Arg Cys Pro Val Tyr Leu Leu His Cys Leu Thr Met Thr Asn Pro
1 5 10 15

```

```

Ser Glu Gly Thr Thr Pro Leu Ala Phe Arg Tyr Thr Pro Glu Leu Ala
20 25 30

```

Asn Lys Ile Glu Gly Glu Trp Gln Asn Tyr Trp Thr Asp Asn Gly Thr
 35 40 45
 Phe Asn Ala Pro Asn Pro Val Gly Asp Leu Ala Pro Ala Asp Gly Lys
 50 55 60
 Ala Leu Pro Glu Asp Lys Leu Phe Val Gln Asp Met Phe Pro Tyr Pro
 65 70 75 80
 Ser Gly Ala Gly Leu His Val Gly His Pro Leu Gly Tyr Ile Ala Thr
 85 90 95
 Asp Val Phe Ala Arg Tyr Asn Arg Met Leu Gly Lys Asn Val Leu His
 100 105 110
 Thr Leu Gly Tyr Asp Ala Phe Gly Leu Pro Ala Glu Gln Tyr Ala Ile
 115 120 125
 Gln Thr Gly Thr His Pro Arg Thr Thr Thr Met Ala Asn Ile Glu Asn
 130 135 140
 Met Lys Arg Gln Leu Gly Ala Leu Gly Leu Gly His Asp Ser Arg Arg
 145 150 155 160
 Ala Val Ala Thr Thr Asp Pro Glu Phe Tyr Lys Trp Thr Gln Trp Ile
 165 170 175
 Phe Leu Gln Ile Phe Asn Ser Trp Phe Asp Ala Glu Gln Gln Lys Ala
 180 185 190
 Arg Pro Ile Ser Glu Leu Ile Pro Leu Leu Glu Ser Gly Glu Leu Lys
 195 200 205
 Thr Lys Asp Gly Ala Asp Tyr Asn Ala Leu Gly Asp Val Glu Lys Gln
 210 215 220
 Lys Ala Val Asp Asp Tyr Arg Leu Val Tyr Arg Ser Asn Ser Thr Val
 225 230 235 240
 Asn Trp Cys Pro Gly Leu Gly Thr Val Leu Ala Asn Glu Glu Val Thr
 245 250 255
 Ala Asp Gly Arg Ser Glu Arg Gly Asn Phe Pro Val Phe Arg Lys Asn
 260 265 270
 Leu Ser Gln Trp Met Met Arg Ile Thr Ala Tyr Ser Asp Arg Leu Ile
 275 280 285
 Asp Asp Leu Glu Leu Leu Asp Trp Thr Glu Lys Val Lys Ser Met Gln
 290 295 300
 Arg Asn Trp Ile Gly Arg Ser Arg Gly Ala Glu Val Asp Phe Ser Ala
 305 310 315 320
 Glu Gly Glu Thr Val Thr Val Phe Thr Thr Arg Pro Asp Thr Leu Phe
 325 330 335
 Gly Ala Thr Tyr Met Val Leu Ala Pro Glu His Glu Leu Val Asp Val
 340 345 350
 Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ser Tyr Glu Gly Val Asp Ala Arg Trp Thr
 355 360 365
 Asn Gly Gln Ala Ser Pro Ala Glu Ala Val Ala Ala Tyr Arg Ala Ser

370		375		380
Ile Ala Ala Lys Ser Asp Leu Glu Arg Gln Glu Asn Lys Glu Lys Thr				
385		390		395
Gly Val Phe Leu Gly Val Tyr Ala Thr Asn Pro Val Asn Gly Asp Gln				
	405		410	415
Ile Thr Val Phe Ile Ala Asp Tyr Val Leu Thr Gly Tyr Gly Thr Gly				
	420		425	430
Ala Ile Met Ala Val Pro Ala His Asp Glu Arg Asp Tyr Glu Phe Ala				
	435		440	445
Thr Val Leu Gly Leu Pro Ile Lys Glu Val Val Ala Gly Gly Asn Ile				
	450		455	460
Glu Glu Ala Ala Phe Thr Glu Ser Gly Glu Ala Val Asn Ser Ala Asn				
	465		470	475
Asp Asn Gly Leu Asp Ile Asn Gly Leu Ala Lys Asp Glu Ala Ile Ala				
	485		490	495
Lys Thr Ile Glu Trp Leu Glu Glu Lys Glu Leu Gly Arg Gly Thr Ile				
	500		505	510
Gln Tyr Lys Leu Arg Asp Trp Leu Phe Ala Arg Gln Arg Tyr Trp Gly				
	515		520	525
Glu Pro Phe Pro Ile Val Tyr Asp Glu Asn Gly Gln Ala His Ala Leu				
	530		535	540
Pro Asp Ser Met Leu Pro Val Glu Leu Pro Glu Val Glu Asp Tyr Lys				
	545		550	555
Pro Val Ser Phe Asp Pro Glu Asp Ala Asp Ser Glu Pro Ser Pro Pro				
	565		570	575
Leu Ala Lys Ala Arg Glu Trp Val Glu Val Glu Leu Asp Leu Gly Asp				
	580		585	590
Gly Lys Lys Lys Tyr Thr Arg Asp Thr Asn Val Met Pro Gln Trp Ala				
	595		600	605
Gly Ser Ser Trp Tyr Gln Leu Arg Tyr Val Asp Pro Ser Asn Asp Glu				
	610		615	620
Gln Phe Cys Asn Ile Glu Asn Glu Arg Tyr Trp Thr Gly Pro Arg Pro				
	625		630	635
Glu Thr His Gly Pro Asn Asp Pro Gly Gly Val Asp Leu Tyr Val Gly				
	645		650	655
Gly Val Glu His Ala Val Leu His Leu Leu Tyr Ala Arg Phe Trp His				
	660		665	670
Lys Val Leu Phe Asp Leu Gly His Val Ser Ser Lys Glu Pro Tyr Arg				
	675		680	685
Arg Leu Tyr Asn Gln Gly Tyr Ile Gln Ala Phe Ala Tyr Thr Asp Ser				
	690		695	700
Arg Gly Val Tyr Val Pro Ala Asp Asp Val Glu Glu Lys Asp Gly Lys				
	705		710	715
				720

Phe Phe Tyr Gln Gly Glu Glu Val Asn Gln Glu Tyr Gly Lys Met Gly
 725 730 735
 Lys Ser Leu Lys Asn Ala Val Ala Pro Asp Asp Ile Cys Asn Asn Phe
 740 745 750
 Gly Ala Asp Thr Leu Arg Val Tyr Glu Met Ala Met Gly Pro Leu Asp
 755 760 765
 Thr Ser Arg Pro Trp Ala Thr Lys Asp Val Val Gly Ala Gln Arg Phe
 770 775 780
 Leu Gln Arg Leu Trp Arg Leu Val Val Asp Glu Asn Thr Gly Glu Val
 785 790 795 800
 Leu Thr Arg Asp Glu Val Leu Thr Asp Asp Asp Asn Lys Gln Leu His
 805 810 815
 Arg Thr Ile Ala Gly Val Arg Asp Asp Tyr Thr Asn Leu Arg Val Asn
 820 825 830
 Thr Val Val Ala Lys Leu Ile Glu Tyr Val Asn Tyr Leu Thr Lys Thr
 835 840 845
 Tyr Pro Asp Thr Ile Pro Ala Gly Ala Val Leu Pro Leu Ile Val Met
 850 855 860
 Val Ser Pro Ile Ala Pro His Ile Ala Glu Glu Leu Trp Lys Lys Leu
 865 870 875 880
 Gly His Asp Asp Thr Val Thr Tyr Glu Pro Phe Pro Thr Phe Glu Glu
 885 890 895
 Lys Trp Leu Thr Asp Asp Glu Ile Glu Leu Pro Val Gln Val Asn Gly
 900 905 910
 Lys Val Arg Gly Arg Ile Thr Val Ala Ala Asp Ala Ser Gln Glu Gln
 915 920 925
 Val Ile Glu Ala Ala Leu Ala Asp Glu Lys Val Gln Glu Gln Ile Ser
 930 935 940
 Gly Lys Asn Leu Ile Lys Gln Ile Val Val Pro Gly Arg Met Val Asn
 945 950 955 960
 Leu Val Val Lys

<210> 21

<211> 2248

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2218)

<223> RXA01277

<400> 21

gaccagccga atctacattc cttattctgc tggcggtaca attcagggcc aaaccggtat 60

 gatgaaaaag acaccgggga aatcggagtg cgcgtagatt ttg aaa acg gcc ggt 115
 Leu Lys Thr Ala Gly

															1	5	
act	act	cgg	ttc	acg	ttt	acg	tcg	gct	gat	cca	att	gga	ggc	gcc	ctc	163	
Thr	Thr	Arg	Phe	Thr	Phe	Thr	Ser	Ala	Asp	Pro	Ile	Gly	Gly	Ala	Leu		
				10					15					20			
gga	agc	cgc	ctt	aaa	aaa	cct	gcc	ggg	caa	aag	atc	act	aac	ctg	aac	211	
Gly	Ser	Arg	Leu	Lys	Lys	Pro	Ala	Gly	Gln	Lys	Ile	Thr	Asn	Leu	Asn		
				25					30					35			
ttc	atg	act	gat	tac	acg	ttc	ctc	gaa	gac	att	gac	acc	ccg	gaa	gcg	259	
Phe	Met	Thr	Asp	Tyr	Thr	Phe	Leu	Glu	Asp	Ile	Asp	Thr	Pro	Glu	Ala		
				40					45					50			
ctc	gcg	tgg	gcg	gaa	aaa	tgg	tcg	ggg	gaa	agc	gtc	gaa	aag	cta	aaa	307	
Leu	Ala	Trp	Ala	Glu	Lys	Trp	Ser	Gly	Glu	Ser	Val	Glu	Lys	Leu	Lys		
				55					60					65			
agc	cca	gcc	aag	gac	gcc	ctg	gaa	gcc	agg	ctg	ctg	gct	gcg	ttg	gac	355	
Ser	Pro	Ala	Lys	Asp	Ala	Leu	Glu	Ala	Arg	Leu	Leu	Ala	Ala	Leu	Asp		
				70					75					80			
acc	gat	gat	cgc	att	gcc	tac	gtg	agc	cgg	cgc	ggg	gag	aag	ctg	tac	403	
Thr	Asp	Asp	Arg	Ile	Ala	Tyr	Val	Ser	Arg	Arg	Gly	Glu	Lys	Leu	Tyr		
				90					95					100			
aac	ttt	tgg	cgc	gac	gcg	cag	cat	ccg	cgt	gga	gtg	tgg	cgc	acg	acc	451	
Asn	Phe	Trp	Arg	Asp	Ala	Gln	His	Pro	Arg	Gly	Val	Trp	Arg	Thr	Thr		
				105					110					115			
acg	ttg	gag	tcg	tat	gaa	agt	gac	cag	ccg	gag	tgg	gac	gtg	ctc	att	499	
Thr	Leu	Glu	Ser	Tyr	Glu	Ser	Asp	Gln	Pro	Glu	Trp	Asp	Val	Leu	Ile		
				120					125					130			
gat	gtg	gat	gcg	ttg	gcg	gag	gat	gag	ggc	gaa	aac	tgg	gta	tgg	aag	547	
Asp	Val	Asp	Ala	Leu	Ala	Glu	Asp	Glu	Gly	Glu	Asn	Trp	Val	Trp	Lys		
				135					140					145			
ggc	gcg	gtt	gtg	cgc	tcg	ccg	gag	ttt	gat	cgg	gcg	ttg	gtg	aag	ttc	595	
Gly	Ala	Val	Val	Arg	Ser	Pro	Glu	Phe	Asp	Arg	Ala	Leu	Val	Lys	Phe		
				150					155					160			
tcg	cgg	ggc	ggg	gct	gat	gcg	acg	gtg	att	agg	gag	ttt	gat	ctg	gcc	643	
Ser	Arg	Gly	Gly	Ala	Asp	Ala	Thr	Val	Ile	Arg	Glu	Phe	Asp	Leu	Ala		
				170					175					180			
acg	gct	gct	ttc	gtg	gat	gat	tcg	ccg	ttt	gaa	ttg	gag	gag	gcg	aag	691	
Thr	Ala	Ala	Phe	Val	Asp	Asp	Ser	Pro	Phe	Glu	Leu	Glu	Glu	Ala	Lys		
				185					190					195			
tcc	gat	gtc	acg	tgg	gtt	gat	ctg	gat	acg	ttg	ctg	gtg	ggc	acg	gat	739	
Ser	Asp	Val	Thr	Trp	Val	Asp	Leu	Asp	Thr	Leu	Leu	Val	Gly	Thr	Asp		
				200					205					210			
acc	ggc	gag	ggg	tca	ctg	acg	gat	tct	ggg	tac	ccg	gcg	cgg	gtg	ctc	787	
Thr	Gly	Glu	Gly	Ser	Leu	Thr	Asp	Ser	Gly	Tyr	Pro	Ala	Arg	Val	Leu		
				215					220					225			
acg	tgg	aag	cgt	ggg	act	ccg	ctt	gag	cag	gcg	gag	ttg	ttc	ttt	gag	835	
Thr	Trp	Lys	Arg	Gly	Thr	Pro	Leu	Glu	Gln	Ala	Glu	Leu	Phe	Phe	Glu		
				230					235					240			
ggg	tcg	cgt	cag	gat	gtg	gcg	act	cat	gcg	tgg	cgg	gat	tca	aca	cct	883	

Gly	Ser	Arg	Gln	Asp	Val	Ala	Thr	His	Ala	Trp	Arg	Asp	Ser	Thr	Pro	
				250					255					260		
ggt	ttt	gag	cgg	acg	ttt	gtg	tca	agg	tcg	ttg	gat	ttc	tat	aat	tcg	931
Gly	Phe	Glu	Arg	Thr	Phe	Val	Ser	Arg	Ser	Leu	Asp	Phe	Tyr	Asn	Ser	
			265					270					275			
gag	acg	tcg	ctg	gaa	acc	gag	ggt	ggc	ctg	gtc	aag	ctt	gat	gtg	ccg	979
Glu	Thr	Ser	Leu	Glu	Thr	Glu	Gly	Gly	Leu	Val	Lys	Leu	Asp	Val	Pro	
			280					285					290			
acc	gat	tgc	gat	gtc	att	gtg	aag	aag	cag	tgg	att	ttt	gtg	agt	cct	1027
Thr	Asp	Cys	Asp	Val	Ile	Val	Lys	Lys	Gln	Trp	Ile	Phe	Val	Ser	Pro	
			295					300					305			
cgg	acg	gat	ttc	gct	ggg	att	cca	gca	ggt	ggc	ttg	gga	gtg	ctg	ctg	1075
Arg	Thr	Asp	Phe	Ala	Gly	Ile	Pro	Ala	Gly	Gly	Leu	Gly	Val	Leu	Leu	
310					315					320					325	
tta	aag	gag	ttc	ctt	gag	ggc	ggg	cgc	gat	ttt	cag	cct	gtg	ttt	acg	1123
Leu	Lys	Glu	Phe	Leu	Glu	Gly	Gly	Arg	Asp	Phe	Gln	Pro	Val	Phe	Thr	
				330					335					340		
cct	act	gag	tcg	acg	tcg	ctg	cag	gga	ttg	gcc	acg	aca	aag	aat	ttc	1171
Pro	Thr	Glu	Ser	Thr	Ser	Leu	Gln	Gly	Leu	Ala	Thr	Thr	Lys	Asn	Phe	
				345				350					355			
ctg	gtt	tta	acg	ctc	ctt	aat	aat	gtc	tcc	aca	gaa	atc	gtc	aca	gtg	1219
Leu	Val	Leu	Thr	Leu	Leu	Asn	Asn	Val	Ser	Thr	Glu	Ile	Val	Thr	Val	
				360				365					370			
ccg	ctc	aat	gat	ccg	aca	acg	gag	cat	gaa	cac	att	gac	ctc	cca	gag	1267
Pro	Leu	Asn	Asp	Pro	Thr	Thr	Glu	His	Glu	His	Ile	Asp	Leu	Pro	Glu	
				375				380				385				
cat	gtc	acc	gcg	cat	gtg	gtt	gct	acc	tcc	ccg	ttg	gat	ggc	gat	gaa	1315
His	Val	Thr	Ala	His	Val	Val	Ala	Thr	Ser	Pro	Leu	Asp	Gly	Asp	Glu	
390					395					400					405	
att	tgg	gtg	cag	gca	gcg	agt	ttc	acc	gaa	gcg	cca	acg	ttg	ctg	cgt	1363
Ile	Trp	Val	Gln	Ala	Ala	Ser	Phe	Thr	Glu	Ala	Pro	Thr	Leu	Leu	Arg	
				410					415					420		
gcg	gag	ctg	cct	ggt	gcg	ctt	gag	gct	gtg	aag	aag	gcg	ccg	ttg	cag	1411
Ala	Glu	Leu	Pro	Gly	Ala	Leu	Glu	Ala	Val	Lys	Lys	Ala	Pro	Leu	Gln	
				425				430					435			
ttt	gaa	aat	gct	ggt	cag	gag	act	cgt	cag	cat	tgg	gca	acc	tcg	gcg	1459
Phe	Glu	Asn	Ala	Gly	Gln	Glu	Thr	Arg	Gln	His	Trp	Ala	Thr	Ser	Ala	
				440				445					450			
gat	gga	acg	aag	att	ccg	tac	ttt	att	aca	gga	gcc	ttc	gag	gag	gaa	1507
Asp	Gly	Thr	Lys	Ile	Pro	Tyr	Phe	Ile	Thr	Gly	Ala	Phe	Glu	Glu	Glu	
				455				460				465				
cca	caa	aac	acc	ctg	gtc	cac	gcc	tac	ggc	ggc	ttc	gag	gtt	tcc	ctt	1555
Pro	Gln	Asn	Thr	Leu	Val	His	Ala	Tyr	Gly	Gly	Phe	Glu	Val	Ser	Leu	
470					475					480					485	
acc	cca	agc	cac	tcc	ccg	acc	cgc	ggc	atc	gca	tgg	ttg	gaa	aag	ggc	1603
Thr	Pro	Ser	His	Ser	Pro	Thr	Arg	Gly	Ile	Ala	Trp	Leu	Glu	Lys	Gly	
				490					495					500		
tac	tac	ttt	gtg	gaa	gcc	aac	ctg	cgt	ggt	ggc	ggt	gaa	ttc	ggt	ccg	1651

Tyr Tyr Phe Val Glu Ala Asn Leu Arg Gly Gly Gly Glu Phe Gly Pro
 505 510 515
 gaa tgg cat tcg cag gca acc aag ctg aac cgc atg aag gtg tgg gag 1699
 Glu Trp His Ser Gln Ala Thr Lys Leu Asn Arg Met Lys Val Trp Glu
 520 525 530
 gat cac cgc gcg gtg ctc gcc gac ctt gtg gag cgc ggc tac gca acg 1747
 Asp His Arg Ala Val Leu Ala Asp Leu Val Glu Arg Gly Tyr Ala Thr
 535 540 545
 ccg gag cag att gcg att cgt ggc gga tcc aac ggt ggt ttg ctg aca 1795
 Pro Glu Gln Ile Ala Ile Arg Gly Gly Ser Asn Gly Gly Leu Leu Thr
 550 555 560 565
 agt ggc gcg tta act cag tac cca gaa gca ttc ggt gcg gca gtt gtg 1843
 Ser Gly Ala Leu Thr Gln Tyr Pro Glu Ala Phe Gly Ala Ala Val Val
 570 575 580
 cag gtg ccg ttg gct gat atg ttg cgc tat cac acc tgg tca gcg ggt 1891
 Gln Val Pro Leu Ala Asp Met Leu Arg Tyr His Thr Trp Ser Ala Gly
 585 590 595
 gct tcg tgg atg gcg gag tac ggc aac cct gac gat ccg gag gaa cgg 1939
 Ala Ser Trp Met Ala Glu Tyr Gly Asn Pro Asp Asp Pro Glu Glu Arg
 600 605 610
 gcg gtg att gag cag tac tcg ccg gtg cag gcg gtg gtg ggc gtc gag 1987
 Ala Val Ile Glu Gln Tyr Ser Pro Val Gln Ala Val Val Gly Val Glu
 615 620 625
 aag cga att tat cca ccc gca ttg gtg acg acc tca acc cgg gac gac 2035
 Lys Arg Ile Tyr Pro Pro Ala Leu Val Thr Thr Ser Thr Arg Asp Asp
 630 635 640 645
 cgc gtc cac ccc gcg cac gcg cgc ctt ttt gct caa gct ttg ctt gat 2083
 Arg Val His Pro Ala His Ala Arg Leu Phe Ala Gln Ala Leu Leu Asp
 650 655 660
 gcg ggc cag gcc gtg gat tac tac gaa aac acc gag ggc ggc cat gcc 2131
 Ala Gly Gln Ala Val Asp Tyr Tyr Glu Asn Thr Glu Gly Gly His Ala
 665 670 675
 ggc gcg gcg gat aac aag cag acc gcg ttt gtg gaa tcg ctg atc tac 2179
 Gly Ala Ala Asp Asn Lys Gln Thr Ala Phe Val Glu Ser Leu Ile Tyr
 680 685 690
 acc tgg atc gag aag act ttg gat cag cag ggt agc att taataacctat 2228
 Thr Trp Ile Glu Lys Thr Leu Asp Gln Gln Gly Ser Ile
 695 700 705
 gattatgcga aggctgcgct 2248

<210> 22

<211> 706

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 22

Leu Lys Thr Ala Gly Thr Thr Arg Phe Thr Phe Thr Ser Ala Asp Pro
 1 5 10 15

Ile Gly Gly Ala Leu Gly Ser Arg Leu Lys Lys Pro Ala Gly Gln Lys
 20 25 30

Ile Thr Asn Leu Asn Phe Met Thr Asp Tyr Thr Phe Leu Glu Asp Ile
 35 40 45

Asp Thr Pro Glu Ala Leu Ala Trp Ala Glu Lys Trp Ser Gly Glu Ser
 50 55 60

Val Glu Lys Leu Lys Ser Pro Ala Lys Asp Ala Leu Glu Ala Arg Leu
 65 70 75 80

Leu Ala Ala Leu Asp Thr Asp Asp Arg Ile Ala Tyr Val Ser Arg Arg
 85 90 95

Gly Glu Lys Leu Tyr Asn Phe Trp Arg Asp Ala Gln His Pro Arg Gly
 100 105 110

Val Trp Arg Thr Thr Thr Leu Glu Ser Tyr Glu Ser Asp Gln Pro Glu
 115 120 125

Trp Asp Val Leu Ile Asp Val Asp Ala Leu Ala Glu Asp Glu Gly Glu
 130 135 140

Asn Trp Val Trp Lys Gly Ala Val Val Arg Ser Pro Glu Phe Asp Arg
 145 150 155 160

Ala Leu Val Lys Phe Ser Arg Gly Gly Ala Asp Ala Thr Val Ile Arg
 165 170 175

Glu Phe Asp Leu Ala Thr Ala Ala Phe Val Asp Asp Ser Pro Phe Glu
 180 185 190

Leu Glu Glu Ala Lys Ser Asp Val Thr Trp Val Asp Leu Asp Thr Leu
 195 200 205

Leu Val Gly Thr Asp Thr Gly Glu Gly Ser Leu Thr Asp Ser Gly Tyr
 210 215 220

Pro Ala Arg Val Leu Thr Trp Lys Arg Gly Thr Pro Leu Glu Gln Ala
 225 230 235 240

Glu Leu Phe Phe Glu Gly Ser Arg Gln Asp Val Ala Thr His Ala Trp
 245 250 255

Arg Asp Ser Thr Pro Gly Phe Glu Arg Thr Phe Val Ser Arg Ser Leu
 260 265 270

Asp Phe Tyr Asn Ser Glu Thr Ser Leu Glu Thr Glu Gly Gly Leu Val
 275 280 285

Lys Leu Asp Val Pro Thr Asp Cys Asp Val Ile Val Lys Lys Gln Trp
 290 295 300

Ile Phe Val Ser Pro Arg Thr Asp Phe Ala Gly Ile Pro Ala Gly Gly
 305 310 315 320

Leu Gly Val Leu Leu Leu Lys Glu Phe Leu Glu Gly Gly Arg Asp Phe
 325 330 335

Gln Pro Val Phe Thr Pro Thr Glu Ser Thr Ser Leu Gln Gly Leu Ala
 340 345 350

Thr Thr Lys Asn Phe Leu Val Leu Thr Leu Leu Asn Asn Val Ser Thr

355	360	365
Glu Ile Val Thr Val Pro Leu Asn Asp Pro Thr Thr Glu His Glu His 370 375 380		
Ile Asp Leu Pro Glu His Val Thr Ala His Val Val Ala Thr Ser Pro 385 390 395 400		
Leu Asp Gly Asp Glu Ile Trp Val Gln Ala Ala Ser Phe Thr Glu Ala 405 410 415		
Pro Thr Leu Leu Arg Ala Glu Leu Pro Gly Ala Leu Glu Ala Val Lys 420 425 430		
Lys Ala Pro Leu Gln Phe Glu Asn Ala Gly Gln Glu Thr Arg Gln His 435 440 445		
Trp Ala Thr Ser Ala Asp Gly Thr Lys Ile Pro Tyr Phe Ile Thr Gly 450 455 460		
Ala Phe Glu Glu Glu Pro Gln Asn Thr Leu Val His Ala Tyr Gly Gly 465 470 475 480		
Phe Glu Val Ser Leu Thr Pro Ser His Ser Pro Thr Arg Gly Ile Ala 485 490 495		
Trp Leu Glu Lys Gly Tyr Tyr Phe Val Glu Ala Asn Leu Arg Gly Gly 500 505 510		
Gly Glu Phe Gly Pro Glu Trp His Ser Gln Ala Thr Lys Leu Asn Arg 515 520 525		
Met Lys Val Trp Glu Asp His Arg Ala Val Leu Ala Asp Leu Val Glu 530 535 540		
Arg Gly Tyr Ala Thr Pro Glu Gln Ile Ala Ile Arg Gly Gly Ser Asn 545 550 555 560		
Gly Gly Leu Leu Thr Ser Gly Ala Leu Thr Gln Tyr Pro Glu Ala Phe 565 570 575		
Gly Ala Ala Val Val Gln Val Pro Leu Ala Asp Met Leu Arg Tyr His 580 585 590		
Thr Trp Ser Ala Gly Ala Ser Trp Met Ala Glu Tyr Gly Asn Pro Asp 595 600 605		
Asp Pro Glu Glu Arg Ala Val Ile Glu Gln Tyr Ser Pro Val Gln Ala 610 615 620		
Val Val Gly Val Glu Lys Arg Ile Tyr Pro Pro Ala Leu Val Thr Thr 625 630 635 640		
Ser Thr Arg Asp Asp Arg Val His Pro Ala His Ala Arg Leu Phe Ala 645 650 655		
Gln Ala Leu Leu Asp Ala Gly Gln Ala Val Asp Tyr Tyr Glu Asn Thr 660 665 670		
Glu Gly Gly His Ala Gly Ala Ala Asp Asn Lys Gln Thr Ala Phe Val 675 680 685		
Glu Ser Leu Ile Tyr Thr Trp Ile Glu Lys Thr Leu Asp Gln Gln Gly 690 695 700		

Ser Ile
705

<210> 23
<211> 2257
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2227)
<223> RXA01278

<400> 23
ttatccgtag gtgacaaact ttttaataact tgggtatctg tcatggatac cccggtaata 60
aataagtga aataagtgaa ttaccgtaac caacaagttg gggtaccact gtg gca caa gaa gtg 115
Val Ala Gln Glu Val
1 5
ctt aag gat cta aac aag gtc cgc aac atc ggc atc atg gcg cac atc 163
Leu Lys Asp Leu Asn Lys Val Arg Asn Ile Gly Ile Met Ala His Ile
10 15 20
gat gct ggt aag acc acg acc acc gaa cgc atc ctc ttc tac acc ggc 211
Asp Ala Gly Lys Thr Thr Thr Thr Glu Arg Ile Leu Phe Tyr Thr Gly
25 30 35
atc aac cgt aag gtc ggt gag acc cac gac ggt ggc gca acc acc gac 259
Ile Asn Arg Lys Val Gly Glu Thr His Asp Gly Gly Ala Thr Thr Asp
40 45 50
tgg atg gag cag gag aag gaa cgc ggc atc acc att acc tcc gcc gcg 307
Trp Met Glu Gln Glu Lys Glu Arg Gly Ile Thr Ile Thr Ser Ala Ala
55 60 65
gtt acc tgt ttc tgg gat aac aac cag gtc aac atc att gac acc cct 355
Val Thr Cys Phe Trp Asp Asn Asn Gln Val Asn Ile Ile Asp Thr Pro
70 75 80 85
ggc cac gtt gac ttc acc gtt gag gtt gag cgt tcc ctc cgc gtg ctt 403
Gly His Val Asp Phe Thr Val Glu Val Glu Arg Ser Leu Arg Val Leu
90 95 100
gac ggc gca gtt gct gtg ttc gac ggc aag gaa ggc gtt gag cca cag 451
Asp Gly Ala Val Ala Val Phe Asp Gly Lys Glu Gly Val Glu Pro Gln
105 110 115
tct gag cag gtt tgg cgt cag gct acc aag tac gac gtt cca cgt atc 499
Ser Glu Gln Val Trp Arg Gln Ala Thr Lys Tyr Asp Val Pro Arg Ile
120 125 130
tgc ttc gtg aac aag atg gac aag ctc ggt gct gac ttc tac ttc acc 547
Cys Phe Val Asn Lys Met Asp Lys Leu Gly Ala Asp Phe Tyr Phe Thr
135 140 145
gtt ggc acc atc gag gac cgc ctg ggt gca aag cca ttg gtt atg cag 595
Val Gly Thr Ile Glu Asp Arg Leu Gly Ala Lys Pro Leu Val Met Gln
150 155 160 165
ctc cca atc ggt gct gag gac aac ttc gac ggc gtc atc gac ctt ctt 643
Leu Pro Ile Gly Ala Glu Asp Asn Phe Asp Gly Val Ile Asp Leu Leu

170	175	180	
gaa atg aag gca ctg acc tgg cgt gga gtt acc cca att ggt acc gaa Glu Met Lys Ala Leu Thr Trp Arg Gly Val Thr Pro Ile Gly Thr Glu 185 190 195			691
gct acc gtt gag gag atc cca gca gag ctc gca gac cgc gca gct gag Ala Thr Val Glu Glu Ile Pro Ala Glu Leu Ala Asp Arg Ala Ala Glu 200 205 210			739
tac cgt gag aag ctt ctc gag acc gtt gca gag tcc gac gaa gag ctc Tyr Arg Glu Lys Leu Leu Glu Thr Val Ala Glu Ser Asp Glu Glu Leu 215 220 225			787
atg gag aag tac ttc ggt ggc gaa gag ctc agc atc gct gag atc aag Met Glu Lys Tyr Phe Gly Gly Glu Glu Leu Ser Ile Ala Glu Ile Lys 230 235 240 245			835
gca gct atc cgt aag atg gtt gtt aac tct gag atc tac cct gtt tac Ala Ala Ile Arg Lys Met Val Val Asn Ser Glu Ile Tyr Pro Val Tyr 250 255 260			883
tgt ggc acc gcc tac aag aac aag ggc atc cag cca ctg ctc gac gca Cys Gly Thr Ala Tyr Lys Asn Lys Gly Ile Gln Pro Leu Leu Asp Ala 265 270 275			931
gtc gtt gac ttc ctg cct tcc cca ctg gat ctc ggc gag acc aag ggc Val Val Asp Phe Leu Pro Ser Pro Leu Asp Leu Gly Glu Thr Lys Gly 280 285 290			979
act gac gtt aag gat cct gag aag gtt ctg acc cgt aag cct tcc gac Thr Asp Val Lys Asp Pro Glu Lys Val Leu Thr Arg Lys Pro Ser Asp 295 300 305			1027
gaa gag cca ctg tct gca ctt gca ttc aag att gca gct cac cca ttc Glu Glu Pro Leu Ser Ala Leu Ala Phe Lys Ile Ala Ala His Pro Phe 310 315 320 325			1075
ttc ggt aag ctg acc ttc gtt cgt ctg tac tcc ggc aag gtt gag cca Phe Gly Lys Leu Thr Phe Val Arg Leu Tyr Ser Gly Lys Val Glu Pro 330 335 340			1123
ggc gag cag gtt ctt aac tcc acc aag aac aag aag gaa cgc att ggt Gly Glu Gln Val Leu Asn Ser Thr Lys Asn Lys Lys Glu Arg Ile Gly 345 350 355			1171
aag ctg ttc cag atg cac gcc aac aag gaa aac cct gtt gag gtt gca Lys Leu Phe Gln Met His Ala Asn Lys Glu Asn Pro Val Glu Val Ala 360 365 370			1219
cac gct ggt aac atc tac gcg ttc atc ggc ctg aag gac acc acc acc His Ala Gly Asn Ile Tyr Ala Phe Ile Gly Leu Lys Asp Thr Thr Thr 375 380 385			1267
ggt gac acc ctc tgt gac gca aac gct cca atc att ctt gag tcc atg Gly Asp Thr Leu Cys Asp Ala Asn Ala Pro Ile Ile Leu Glu Ser Met 390 395 400 405			1315
gac ttc ccg gat cca gtt atc cag gtt gct att gag cct aag acc aag Asp Phe Pro Asp Pro Val Ile Gln Val Ala Ile Glu Pro Lys Thr Lys 410 415 420			1363
tct gac cag gag aag ctc ggc gta gct atc cag aag ctt gct gaa gaa			1411

Ser	Asp	Gln	Glu	Lys	Leu	Gly	Val	Ala	Ile	Gln	Lys	Leu	Ala	Glu	Glu		
			425					430					435				
gac	cca	acc	ttc	acc	gtt	cac	ttg	gac	gat	gag	tcc	ggc	cag	acc	gtc	1459	
Asp	Pro	Thr	Phe	Thr	Val	His	Leu	Asp	Asp	Glu	Ser	Gly	Gln	Thr	Val		
		440					445					450					
att	ggc	ggc	atg	ggc	gag	ctg	cac	ctc	gat	gtt	ctt	gtt	gac	cgc	atg	1507	
Ile	Gly	Gly	Met	Gly	Glu	Leu	His	Leu	Asp	Val	Leu	Val	Asp	Arg	Met		
	455					460					465						
aag	cgc	gag	ttc	aag	gtt	gag	gca	aac	atc	ggc	gac	cca	cag	gtt	gct	1555	
Lys	Arg	Glu	Phe	Lys	Val	Glu	Ala	Asn	Ile	Gly	Asp	Pro	Gln	Val	Ala		
470					475				480						485		
tac	cgt	gag	acc	atc	cgt	aag	cct	gtt	gag	tcc	ctc	agc	tac	acc	cac	1603	
Tyr	Arg	Glu	Thr	Ile	Arg	Lys	Pro	Val	Glu	Ser	Leu	Ser	Tyr	Thr	His		
			490						495					500			
aag	aag	cag	act	ggc	ggc	tcc	ggc	cag	ttc	gct	aag	gtc	atc	atc	acc	1651	
Lys	Lys	Gln	Thr	Gly	Gly	Ser	Gly	Gln	Phe	Ala	Lys	Val	Ile	Ile	Thr		
		505						510					515				
att	gag	cct	tac	gca	cct	gag	gca	gac	gag	ctt	gaa	gag	ggc	gag	tcc	1699	
Ile	Glu	Pro	Tyr	Ala	Pro	Glu	Ala	Asp	Glu	Leu	Glu	Glu	Gly	Glu	Ser		
		520					525					530					
gca	atc	tac	aag	ttc	gag	aac	gct	gtc	acc	ggc	ggc	cgt	gtt	cca	cgt	1747	
Ala	Ile	Tyr	Lys	Phe	Glu	Asn	Ala	Val	Thr	Gly	Gly	Arg	Val	Pro	Arg		
	535					540					545						
gaa	tac	atc	cca	tcc	gtt	gac	gct	ggc	atc	cag	gac	gca	atg	cag	tac	1795	
Glu	Tyr	Ile	Pro	Ser	Val	Asp	Ala	Gly	Ile	Gln	Asp	Ala	Met	Gln	Tyr		
550					555				560						565		
ggc	ttc	ctg	gct	ggc	tac	cca	ctg	gtt	aac	gtc	aag	gca	acc	ctt	gaa	1843	
Gly	Phe	Leu	Ala	Gly	Tyr	Pro	Leu	Val	Asn	Val	Lys	Ala	Thr	Leu	Glu		
			570					575						580			
gat	ggc	gct	tac	cac	gac	gtt	gac	tcc	tct	gaa	atg	gcc	ttc	aag	ctc	1891	
Asp	Gly	Ala	Tyr	His	Asp	Val	Asp	Ser	Ser	Glu	Met	Ala	Phe	Lys	Leu		
		585						590					595				
gcc	ggc	tcc	cag	gcg	ttc	aag	gaa	gct	gtt	gca	aag	gca	aag	cca	gtc	1939	
Ala	Gly	Ser	Gln	Ala	Phe	Lys	Glu	Ala	Val	Ala	Lys	Ala	Lys	Pro	Val		
		600					605					610					
ctc	ctc	gag	cca	atc	atg	tcc	gtt	gaa	atc	acc	act	cct	gag	gag	tac	1987	
Leu	Leu	Glu	Pro	Ile	Met	Ser	Val	Glu	Ile	Thr	Thr	Pro	Glu	Glu	Tyr		
		615					620				625						
atg	ggc	gaa	gtc	atc	ggc	gac	gtg	aac	tcc	cgc	cgt	ggc	cag	atc	gct	2035	
Met	Gly	Glu	Val	Ile	Gly	Asp	Val	Asn	Ser	Arg	Arg	Gly	Gln	Ile	Ala		
630					635				640						645		
tcc	atg	gat	gac	cgt	gca	ggc	gcc	aag	ctg	gtt	aag	gct	aag	gtt	cca	2083	
Ser	Met	Asp	Asp	Arg	Ala	Gly	Ala	Lys	Leu	Val	Lys	Ala	Lys	Val	Pro		
				650					655					660			
ctg	tct	cag	atg	ttc	ggc	tac	gtc	ggc	gac	ctt	cgc	tct	aag	acc	cag	2131	
Leu	Ser	Gln	Met	Phe	Gly	Tyr	Val	Gly	Asp	Leu	Arg	Ser	Lys	Thr	Gln		
			665					670					675				
ggc	cgt	gca	aac	tac	tcc	atg	gtc	ttc	gat	tcc	tac	gct	gag	gtc	cca	2179	

Gly Arg Ala Asn Tyr Ser Met Val Phe Asp Ser Tyr Ala Glu Val Pro
 680 685 690

gcc aac gtt gcc gca gat gtt att gct gag cgc aac ggc acc gct tcc 2227
 Ala Asn Val Ala Ala Asp Val Ile Ala Glu Arg Asn Gly Thr Ala Ser
 695 700 705

taaagatcgt ttagatccga aggaaaacgt 2257

<210> 24
 <211> 709
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 24
 Val Ala Gln Glu Val Leu Lys Asp Leu Asn Lys Val Arg Asn Ile Gly
 1 5 10 15

Ile Met Ala His Ile Asp Ala Gly Lys Thr Thr Thr Thr Glu Arg Ile
 20 25 30

Leu Phe Tyr Thr Gly Ile Asn Arg Lys Val Gly Glu Thr His Asp Gly
 35 40 45

Gly Ala Thr Thr Asp Trp Met Glu Gln Glu Lys Glu Arg Gly Ile Thr
 50 55 60

Ile Thr Ser Ala Ala Val Thr Cys Phe Trp Asp Asn Asn Gln Val Asn
 65 70 75 80

Ile Ile Asp Thr Pro Gly His Val Asp Phe Thr Val Glu Val Glu Arg
 85 90 95

Ser Leu Arg Val Leu Asp Gly Ala Val Ala Val Phe Asp Gly Lys Glu
 100 105 110

Gly Val Glu Pro Gln Ser Glu Gln Val Trp Arg Gln Ala Thr Lys Tyr
 115 120 125

Asp Val Pro Arg Ile Cys Phe Val Asn Lys Met Asp Lys Leu Gly Ala
 130 135 140

Asp Phe Tyr Phe Thr Val Gly Thr Ile Glu Asp Arg Leu Gly Ala Lys
 145 150 155 160

Pro Leu Val Met Gln Leu Pro Ile Gly Ala Glu Asp Asn Phe Asp Gly
 165 170 175

Val Ile Asp Leu Leu Glu Met Lys Ala Leu Thr Trp Arg Gly Val Thr
 180 185 190

Pro Ile Gly Thr Glu Ala Thr Val Glu Glu Ile Pro Ala Glu Leu Ala
 195 200 205

Asp Arg Ala Ala Glu Tyr Arg Glu Lys Leu Leu Glu Thr Val Ala Glu
 210 215 220

Ser Asp Glu Glu Leu Met Glu Lys Tyr Phe Gly Gly Glu Glu Leu Ser
 225 230 235 240

Ile Ala Glu Ile Lys Ala Ala Ile Arg Lys Met Val Val Asn Ser Glu
 245 250 255

Ile Tyr Pro Val Tyr Cys Gly Thr Ala Tyr Lys Asn Lys Gly Ile Gln
 260 265 270
 Pro Leu Leu Asp Ala Val Val Asp Phe Leu Pro Ser Pro Leu Asp Leu
 275 280 285
 Gly Glu Thr Lys Gly Thr Asp Val Lys Asp Pro Glu Lys Val Leu Thr
 290 295 300
 Arg Lys Pro Ser Asp Glu Glu Pro Leu Ser Ala Leu Ala Phe Lys Ile
 305 310 315 320
 Ala Ala His Pro Phe Phe Gly Lys Leu Thr Phe Val Arg Leu Tyr Ser
 325 330 335
 Gly Lys Val Glu Pro Gly Glu Gln Val Leu Asn Ser Thr Lys Asn Lys
 340 345 350
 Lys Glu Arg Ile Gly Lys Leu Phe Gln Met His Ala Asn Lys Glu Asn
 355 360 365
 Pro Val Glu Val Ala His Ala Gly Asn Ile Tyr Ala Phe Ile Gly Leu
 370 375 380
 Lys Asp Thr Thr Thr Gly Asp Thr Leu Cys Asp Ala Asn Ala Pro Ile
 385 390 395 400
 Ile Leu Glu Ser Met Asp Phe Pro Asp Pro Val Ile Gln Val Ala Ile
 405 410 415
 Glu Pro Lys Thr Lys Ser Asp Gln Glu Lys Leu Gly Val Ala Ile Gln
 420 425 430
 Lys Leu Ala Glu Glu Asp Pro Thr Phe Thr Val His Leu Asp Asp Glu
 435 440 445
 Ser Gly Gln Thr Val Ile Gly Gly Met Gly Glu Leu His Leu Asp Val
 450 455 460
 Leu Val Asp Arg Met Lys Arg Glu Phe Lys Val Glu Ala Asn Ile Gly
 465 470 475 480
 Asp Pro Gln Val Ala Tyr Arg Glu Thr Ile Arg Lys Pro Val Glu Ser
 485 490 495
 Leu Ser Tyr Thr His Lys Lys Gln Thr Gly Gly Ser Gly Gln Phe Ala
 500 505 510
 Lys Val Ile Ile Thr Ile Glu Pro Tyr Ala Pro Glu Ala Asp Glu Leu
 515 520 525
 Glu Glu Gly Glu Ser Ala Ile Tyr Lys Phe Glu Asn Ala Val Thr Gly
 530 535 540
 Gly Arg Val Pro Arg Glu Tyr Ile Pro Ser Val Asp Ala Gly Ile Gln
 545 550 555 560
 Asp Ala Met Gln Tyr Gly Phe Leu Ala Gly Tyr Pro Leu Val Asn Val
 565 570 575
 Lys Ala Thr Leu Glu Asp Gly Ala Tyr His Asp Val Asp Ser Ser Glu
 580 585 590
 Met Ala Phe Lys Leu Ala Gly Ser Gln Ala Phe Lys Glu Ala Val Ala

[illegible]

```
<210> 25
<211> 1318
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
```

```
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1288)
<223> RXA01284
```

<400>	25																				
atctgtgtgc	tcagttcttc	aggctgctta	tcacagtga	agcaaaacca	attcgtggct														60		
gcgaaagtcg tagccaccac gaagtcagg aggacataca						gtg	gca	aag	gcg	aag											115
						Val	Ala	Lys	Ala	Lys											
						1				5											
ttc	gag	cgt	acc	aag	ccc	cac	gta	aac	atc	ggc	acc	atc	ggt	cac	gtt				163		
Phe	Glu	Arg	Thr	Lys	Pro	His	Val	Asn	Ile	Gly	Thr	Ile	Gly	His	Val						
				10					15					20							
gac	cac	ggt	aag	acc	acc	acc	acc	gcg	gct	atc	acc	aag	gtt	ctg	gct				211		
Asp	His	Gly	Lys	Thr	Thr	Thr	Thr	Ala	Ala	Ile	Thr	Lys	Val	Leu	Ala						
				25					30					35							
gac	act	tac	cct	gag	ctc	aac	gag	gct	ttc	gcc	ttc	gac	tcc	atc	gat				259		
Asp	Thr	Tyr	Pro	Glu	Leu	Asn	Glu	Ala	Phe	Ala	Phe	Asp	Ser	Ile	Asp						
			40					45					50								
aag	gct	cct	gag	gag	aag	gag	cgt	ggc	atc	acg	atc	aac	atc	tcc	cac				307		
Lys	Ala	Pro	Glu	Glu	Lys	Glu	Arg	Gly	Ile	Thr	Ile	Asn	Ile	Ser	His						
			55					60					65								
gtt	gag	tac	cag	act	gaa	aag	cgc	cac	tac	gca	cac	gtt	gac	gct	cca				355		
Val	Glu	Tyr	Gln	Thr	Glu	Lys	Arg	His	Tyr	Ala	His	Val	Asp	Ala	Pro						
70					75					80					85						
ggc	cac	gcc	gac	tac	atc	aag	aac	atg	att	acc	ggc	gct	gct	cag	atg				403		
Gly	His	Ala	Asp	Tyr	Ile	Lys	Asn	Met	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	Gln	Met						

90								95				100						
gac	ggc	gca	atc	ctc	gtt	gtt	gct	gct	acc	gac	ggc	cca	atg	cct	cag	451		
Asp	Gly	Ala	Ile	Leu	Val	Val	Ala	Ala	Thr	Asp	Gly	Pro	Met	Pro	Gln			
105								110				115						
acc	cgt	gag	cac	gtt	ctt	ctt	gct	cgc	cag	gtt	ggc	gtt	cct	tac	atc	499		
Thr	Arg	Glu	His	Val	Leu	Leu	Ala	Arg	Gln	Val	Gly	Val	Pro	Tyr	Ile			
120								125				130						
ctc	gtt	gct	ctt	aac	aag	tgc	gac	atg	gtt	gag	gat	gag	gaa	atc	atc	547		
Leu	Val	Ala	Leu	Asn	Lys	Cys	Asp	Met	Val	Glu	Asp	Glu	Glu	Ile	Ile			
135								140				145						
gag	ctc	gtc	gag	atg	gaa	gtt	cgt	gaa	ctt	ctt	gct	gag	cag	gac	tac	595		
Glu	Leu	Val	Glu	Met	Glu	Val	Arg	Glu	Leu	Leu	Ala	Glu	Gln	Asp	Tyr			
150								155				160						
gac	gaa	gag	gct	cca	att	gtt	cac	atc	tcc	gct	ctg	aag	gct	ctt	gag	643		
Asp	Glu	Glu	Ala	Pro	Ile	Val	His	Ile	Ser	Ala	Leu	Lys	Ala	Leu	Glu			
170								175				180						
ggc	gac	gag	aag	tgg	ggc	aag	cag	atc	ctt	gag	ctc	atg	cag	gct	tgc	691		
Gly	Asp	Glu	Lys	Trp	Gly	Lys	Gln	Ile	Leu	Glu	Leu	Met	Gln	Ala	Cys			
185								190				195						
gat	gac	aac	atc	cct	gac	cca	gtt	cgt	gag	acc	gac	aag	cca	ttc	ctc	739		
Asp	Asp	Asn	Ile	Pro	Asp	Pro	Val	Arg	Glu	Thr	Asp	Lys	Pro	Phe	Leu			
200								205				210						
atg	cct	atc	gag	gac	atc	ttc	acc	atc	acc	ggc	cgt	ggc	acc	gtt	gtt	787		
Met	Pro	Ile	Glu	Asp	Ile	Phe	Thr	Ile	Thr	Gly	Arg	Gly	Thr	Val	Val			
215								220				225						
acc	ggc	cgt	gtt	gag	cgc	ggc	acc	ctg	aac	gtg	aac	gat	gat	gtt	gac	835		
Thr	Gly	Arg	Val	Glu	Arg	Gly	Thr	Leu	Asn	Val	Asn	Asp	Asp	Val	Asp			
230								235				240						
atc	atc	ggc	atc	aag	gag	aag	tcc	acc	tcc	acc	acc	gtt	acc	ggc	atc	883		
Ile	Ile	Gly	Ile	Lys	Glu	Lys	Ser	Thr	Ser	Thr	Thr	Val	Thr	Gly	Ile			
250								255				260						
gag	atg	ttc	cgt	aag	ctt	ctt	gac	tcc	gct	gag	gct	ggc	gac	aac	tgt	931		
Glu	Met	Phe	Arg	Lys	Leu	Leu	Asp	Ser	Ala	Glu	Ala	Gly	Asp	Asn	Cys			
265								270				275						
ggc	ctg	ctt	ctc	cgt	ggc	atc	aag	cgc	gaa	gat	gtt	gag	cgt	ggc	cag	979		
Gly	Leu	Leu	Leu	Arg	Gly	Ile	Lys	Arg	Glu	Asp	Val	Glu	Arg	Gly	Gln			
280								285				290						
gtt	atc	gtt	aag	cca	ggc	gct	tac	acc	cct	cac	acc	gag	ttc	gag	ggc	1027		
Val	Ile	Val	Lys	Pro	Gly	Ala	Tyr	Thr	Pro	His	Thr	Glu	Phe	Glu	Gly			
295								300				305						
tct	gtc	tac	gtt	ctg	tcc	aag	gat	gaa	ggc	ggc	cgc	cac	acc	cca	ttc	1075		
Ser	Val	Tyr	Val	Leu	Ser	Lys	Asp	Glu	Gly	Gly	Arg	His	Thr	Pro	Phe			
310								315				320						
ttc	gac	aac	tac	cgt	cct	cag	ttc	tac	ttc	cgc	acc	acc	gac	gtt	acc	1123		
Phe	Asp	Asn	Tyr	Arg	Pro	Gln												

Gly Val Val Lys Leu Pro Glu Gly Thr Glu Met Val Met Pro Gly Asp
 345 350 355

aac gtc gac atg tcc gtc acc ctg atc cag cct gtc gct atg gac gag 1219
 Asn Val Asp Met Ser Val Thr Leu Ile Gln Pro Val Ala Met Asp Glu
 360 365 370

ggc ctg cgt ttc gct atc cgc gaa ggc tcc cgc acc gtt ggc gct ggt 1267
 Gly Leu Arg Phe Ala Ile Arg Glu Gly Ser Arg Thr Val Gly Ala Gly
 375 380 385

cgt gtc acc aag atc atc aag taatttgatg ctctaactgt tgaggtcttt 1318
 Arg Val Thr Lys Ile Ile Lys
 390 395

<210> 26
 <211> 396
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 26
 Val Ala Lys Ala Lys Phe Glu Arg Thr Lys Pro His Val Asn Ile Gly
 1 5 10 15

Thr Ile Gly His Val Asp His Gly Lys Thr Thr Thr Thr Ala Ala Ile
 20 25 30

Thr Lys Val Leu Ala Asp Thr Tyr Pro Glu Leu Asn Glu Ala Phe Ala
 35 40 45

Phe Asp Ser Ile Asp Lys Ala Pro Glu Glu Lys Glu Arg Gly Ile Thr
 50 55 60

Ile Asn Ile Ser His Val Glu Tyr Gln Thr Glu Lys Arg His Tyr Ala
 65 70 75 80

His Val Asp Ala Pro Gly His Ala Asp Tyr Ile Lys Asn Met Ile Thr
 85 90 95

Gly Ala Ala Gln Met Asp Gly Ala Ile Leu Val Val Ala Ala Thr Asp
 100 105 110

Gly Pro Met Pro Gln Thr Arg Glu His Val Leu Leu Ala Arg Gln Val
 115 120 125

Gly Val Pro Tyr Ile Leu Val Ala Leu Asn Lys Cys Asp Met Val Glu
 130 135 140

Asp Glu Glu Ile Ile Glu Leu Val Glu Met Glu Val Arg Glu Leu Leu
 145 150 155 160

Ala Glu Gln Asp Tyr Asp Glu Glu Ala Pro Ile Val His Ile Ser Ala
 165 170 175

Leu Lys Ala Leu Glu Gly Asp Glu Lys Trp Gly Lys Gln Ile Leu Glu
 180 185 190

Leu Met Gln Ala Cys Asp Asp Asn Ile Pro Asp Pro Val Arg Glu Thr
 195 200 205

Asp Lys Pro Phe Leu Met Pro Ile Glu Asp Ile Phe Thr Ile Thr Gly
 210 215 220

Arg Gly Thr Val Val Thr Gly Arg Val Glu Arg Gly Thr Leu Asn Val
 225 230 235 240
 Asn Asp Asp Val Asp Ile Ile Gly Ile Lys Glu Lys Ser Thr Ser Thr
 245 250 255
 Thr Val Thr Gly Ile Glu Met Phe Arg Lys Leu Leu Asp Ser Ala Glu
 260 265 270
 Ala Gly Asp Asn Cys Gly Leu Leu Leu Arg Gly Ile Lys Arg Glu Asp
 275 280 285
 Val Glu Arg Gly Gln Val Ile Val Lys Pro Gly Ala Tyr Thr Pro His
 290 295 300
 Thr Glu Phe Glu Gly Ser Val Tyr Val Leu Ser Lys Asp Glu Gly Gly
 305 310 315 320
 Arg His Thr Pro Phe Phe Asp Asn Tyr Arg Pro Gln Phe Tyr Phe Arg
 325 330 335
 Thr Thr Asp Val Thr Gly Val Val Lys Leu Pro Glu Gly Thr Glu Met
 340 345 350
 Val Met Pro Gly Asp Asn Val Asp Met Ser Val Thr Leu Ile Gln Pro
 355 360 365
 Val Ala Met Asp Glu Gly Leu Arg Phe Ala Ile Arg Glu Gly Ser Arg
 370 375 380
 Thr Val Gly Ala Gly Arg Val Thr Lys Ile Ile Lys
 385 390 395

<210> 27
 <211> 3625
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(3595)
 <223> RXA01344

<400> 27
 ggggggatcgg gttcctcagc agaccaattg ctcaaaaata ccagcgggtgt tgatctgcac 60
 ttaatggcct tgaccagcca ggtgcaatta cccgcgtgag gtg ctg gaa gga ccc 115
 Val Leu Glu Gly Pro
 1 5
 atc ttg gca gtc tcc cgc cag acc aag tca gtc gtc gat att ccc ggt 163
 Ile Leu Ala Val Ser Arg Gln Thr Lys Ser Val Val Asp Ile Pro Gly
 10 15 20
 gca ccg cag cgt tat tct ttc gcg aag gtg tcc gca ccc att gag gtg 211
 Ala Pro Gln Arg Tyr Ser Phe Ala Lys Val Ser Ala Pro Ile Glu Val
 25 30 35
 ccc ggg cta cta gat ctt caa ctg gat tct tac tcc tgg ctg att ggt 259
 Pro Gly Leu Leu Asp Leu Gln Leu Asp Ser Tyr Ser Trp Leu Ile Gly
 40 45 50
 acg cct gag tgg cgt gct cgt cag aag gaa gaa ttc ggc gag gga gcc 307

Thr	Pro	Glu	Trp	Arg	Ala	Arg	Gln	Lys	Glu	Glu	Phe	Gly	Glu	Gly	Ala		
	55					60					65						
cgc	gta	acc	agc	ggc	ctt	gag	aac	att	ctc	gag	gag	ctc	tcc	cca	atc	355	
Arg	Val	Thr	Ser	Gly	Leu	Glu	Asn	Ile	Leu	Glu	Glu	Leu	Ser	Pro	Ile		
	70				75					80					85		
cag	gat	tac	tct	gga	aac	atg	tcc	ctg	agc	ctt	tcg	gag	cca	cgc	ttc	403	
Gln	Asp	Tyr	Ser	Gly	Asn	Met	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Glu	Pro	Arg	Phe		
				90				95						100			
gaa	gac	gtc	aag	aac	acc	att	gac	gag	gcg	aaa	gaa	aag	gac	atc	aac	451	
Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Thr	Ile	Asp	Glu	Ala	Lys	Glu	Lys	Asp	Ile	Asn		
			105					110					115				
tac	gcg	gcg	cca	ctg	tat	gtg	acc	gcg	gag	ttc	gtc	aac	aac	acc	acc	499	
Tyr	Ala	Ala	Pro	Leu	Tyr	Val	Thr	Ala	Glu	Phe	Val	Asn	Asn	Thr	Thr		
			120					125					130				
ggt	gaa	atc	aag	tct	cag	act	gtc	ttc	atc	ggc	gat	ttc	cca	atg	atg	547	
Gly	Glu	Ile	Lys	Ser	Gln	Thr	Val	Phe	Ile	Gly	Asp	Phe	Pro	Met	Met		
	135					140					145						
acg	gac	aag	gga	acg	ttc	atc	atc	aac	gga	acc	gaa	cgc	gtt	gtg	gtc	595	
Thr	Asp	Lys	Gly	Thr	Phe	Ile	Ile	Asn	Gly	Thr	Glu	Arg	Val	Val	Val		
	150				155				160					165			
agc	cag	ctc	gtc	cgc	tcc	ccg	ggc	gtg	tac	ttt	gac	cag	acc	atc	gat	643	
Ser	Gln	Leu	Val	Arg	Ser	Pro	Gly	Val	Tyr	Phe	Asp	Gln	Thr	Ile	Asp		
				170					175					180			
aag	tca	act	gag	cgt	cca	ctg	cac	gcc	gtg	aag	gtt	att	cct	tcc	cgt	691	
Lys	Ser	Thr	Glu	Arg	Pro	Leu	His	Ala	Val	Lys	Val	Ile	Pro	Ser	Arg		
			185					190					195				
ggt	gct	tgg	ctt	gag	ttt	gac	gtc	gat	aag	cgc	gat	tcg	gtt	ggt	gtt	739	
Gly	Ala	Trp	Leu	Glu	Phe	Asp	Val	Asp	Lys	Arg	Asp	Ser	Val	Gly	Val		
		200					205					210					
cgt	att	gac	cgc	aag	cgt	cgc	cag	cca	gtc	acc	gta	ctg	ctg	aag	gct	787	
Arg	Ile	Asp	Arg	Lys	Arg	Arg	Gln	Pro	Val	Thr	Val	Leu	Leu	Lys	Ala		
	215					220					225						
ctt	ggc	tgg	acc	act	gag	cag	atc	acc	gag	cgt	ttc	ggt	ttc	tct	gaa	835	
Leu	Gly	Trp	Thr	Thr	Glu	Gln	Ile	Thr	Glu	Arg	Phe	Gly	Phe	Ser	Glu		
	230				235					240					245		
atc	atg	atg	tcc	acc	ctc	gag	tcc	gat	ggt	gta	gca	aac	acc	gat	gag	883	
Ile	Met	Met	Ser	Thr	Leu	Glu	Ser	Asp	Gly	Val	Ala	Asn	Thr	Asp	Glu		
				250					255					260			
gca	ttg	ctg	gag	atc	tac	cgc	aag	cag	cgt	cca	ggc	gag	cag	cct	acc	931	
Ala	Leu	Leu	Glu	Ile	Tyr	Arg	Lys	Gln	Arg	Pro	Gly	Glu	Gln	Pro	Thr		
			265					270					275				
cgc	gac	ctt	gcg	cag	tcc	ctc	ctg	gac	aac	agc	ttc	ttc	cgt	gca	aag	979	
Arg	Asp	Leu	Ala	Gln	Ser	Leu	Leu	Asp	Asn	Ser	Phe	Phe	Arg	Ala	Lys		
		280					285					290					
cgc	tac	gac	ctg	gct	cgc	gtt	ggt	cgt	tac	aag	atc	aac	cgc	aag	ctc	1027	
Arg	Tyr	Asp	Leu	Ala	Arg	Val	Gly	Arg	Tyr	Lys	Ile	Asn	Arg	Lys	Leu		
	295					300					305						
ggc	ctt	ggt	ggc	gac	cac	gat	ggt	ttg	atg	act	ctt	act	gaa	gag	gac	1075	

Gly Leu Gly Gly Asp His Asp Gly Leu Met Thr Leu Thr Glu Glu Asp 310 315 320 325	
atc gca acc acc atc gag tac ctg gtg cgt ctg cac gca ggt gag cgc Ile Ala Thr Thr Ile Glu Tyr Leu Val Arg Leu His Ala Gly Glu Arg 330 335 340	1123
gtc atg act tct cca aat ggt gaa gag atc cca gtc gag acc gat gac Val Met Thr Ser Pro Asn Gly Glu Glu Ile Pro Val Glu Thr Asp Asp 345 350 355	1171
atc gac cac ttt ggt aac cgt cgt ctg cgt acc gtt ggc gaa ctg atc Ile Asp His Phe Gly Asn Arg Arg Leu Arg Thr Val Gly Glu Leu Ile 360 365 370	1219
cag aac cag gtc cgt gtc ggc ctg tcc cgc atg gag cgc gtt gtt cgt Gln Asn Gln Val Arg Val Gly Leu Ser Arg Met Glu Arg Val Val Arg 375 380 385	1267
gag cgt atg acc acc cag gat gcg gag tcc att act cct act tcc ttg Glu Arg Met Thr Thr Gln Asp Ala Glu Ser Ile Thr Pro Thr Ser Leu 390 395 400 405	1315
atc aac gtt cgt cct gtc tct gca gct atc cgt gag ttc ttc gga act Ile Asn Val Arg Pro Val Ser Ala Ala Ile Arg Glu Phe Phe Gly Thr 410 415 420	1363
tcc cag ctg tct cag ttc atg gac cag aac aac tcc ctg tct ggt ttg Ser Gln Leu Ser Gln Phe Met Asp Gln Asn Asn Ser Leu Ser Gly Leu 425 430 435	1411
act cac aag cgt cgt ctg tcg gct ctg ggc ccg ggt ggt ctg tcc cgt Thr His Lys Arg Arg Leu Ser Ala Leu Gly Pro Gly Gly Leu Ser Arg 440 445 450	1459
gag cgc gcc ggc atc gag gtt cga gac gtt cac cca tct cac tac ggc Glu Arg Ala Gly Ile Glu Val Arg Asp Val His Pro Ser His Tyr Gly 455 460 465	1507
cgt atg tgc cca att gag act ccg gaa ggt cca aac att ggc ctg atc Arg Met Cys Pro Ile Glu Thr Pro Glu Gly Pro Asn Ile Gly Leu Ile 470 475 480 485	1555
ggt tcc ttg gct tcc tat gct cga gtg aac cca ttc ggt ttc att gag Gly Ser Leu Ala Ser Tyr Ala Arg Val Asn Pro Phe Gly Phe Ile Glu 490 495 500	1603
acc cca tac cgt cgc atc atc gac ggc aag ctg acc gac cag att gac Thr Pro Tyr Arg Arg Ile Ile Asp Gly Lys Leu Thr Asp Gln Ile Asp 505 510 515	1651
tac ctt acc gct gat gag gaa gac cgc ttc gtt gtt gcg cag gca aac Tyr Leu Thr Ala Asp Glu Glu Asp Arg Phe Val Val Ala Gln Ala Asn 520 525 530	1699
acg cac tac gac gaa gag ggc aac atc acc gat gag acc gtc act gtt Thr His Tyr Asp Glu Glu Gly Asn Ile Thr Asp Glu Thr Val Thr Val 535 540 545	1747
cgt ctg aag gac ggc gac atc gcc atg gtt ggc cgc aac gcg gtt gat Arg Leu Lys Asp Gly Asp Ile Ala Met Val Gly Arg Asn Ala Val Asp 550 555 560 565	1795
tac atg gac gtt tcc cct cgt cag atg gtt tct gtt ggt acc gcg atg	1843

Tyr	Met	Asp	Val	Ser	Pro	Arg	Gln	Met	Val	Ser	Val	Gly	Thr	Ala	Met	
				570					575					580		
att	cca	ttc	ctg	gag	cac	gac	gat	gct	aac	cgt	gca	ctg	atg	ggc	gcg	1891
Ile	Pro	Phe	Leu	Glu	His	Asp	Asp	Ala	Asn	Arg	Ala	Leu	Met	Gly	Ala	
			585					590					595			
aac	atg	cag	aag	cag	gct	gtg	cca	ctg	att	cgt	gcc	gag	gct	cct	ttc	1939
Asn	Met	Gln	Lys	Gln	Ala	Val	Pro	Leu	Ile	Arg	Ala	Glu	Ala	Pro	Phe	
		600					605					610				
gtg	ggc	acc	ggc	atg	gag	cag	cgc	gca	gca	tac	gac	gcc	ggc	gac	ctg	1987
Val	Gly	Thr	Gly	Met	Glu	Gln	Arg	Ala	Ala	Tyr	Asp	Ala	Gly	Asp	Leu	
	615					620					625					
gtt	att	acc	cca	gtc	gca	ggc	gtg	gtg	gaa	aac	gtt	tca	gct	gac	ttc	2035
Val	Ile	Thr	Pro	Val	Ala	Gly	Val	Val	Glu	Asn	Val	Ser	Ala	Asp	Phe	
	630				635					640					645	
atc	acc	atc	atg	gct	gat	gac	ggc	aag	cgc	gaa	acc	tac	ctg	ctg	cgt	2083
Ile	Thr	Ile	Met	Ala	Asp	Asp	Gly	Lys	Arg	Glu	Thr	Tyr	Leu	Leu	Arg	
				650					655					660		
aag	ttc	cag	cgc	acc	aac	cag	ggc	acc	agc	tac	aac	cag	aag	cct	ttg	2131
Lys	Phe	Gln	Arg	Thr	Asn	Gln	Gly	Thr	Ser	Tyr	Asn	Gln	Lys	Pro	Leu	
			665					670					675			
gtt	aac	ttg	ggc	gag	cgc	gtt	gaa	gct	ggc	cag	gtt	att	gct	gat	ggc	2179
Val	Asn	Leu	Gly	Glu	Arg	Val	Glu	Ala	Gly	Gln	Val	Ile	Ala	Asp	Gly	
		680					685					690				
cca	ggc	acc	ttc	aat	ggc	gaa	atg	tcc	ctt	ggc	cgt	aac	ctt	ctg	gtt	2227
Pro	Gly	Thr	Phe	Asn	Gly	Glu	Met	Ser	Leu	Gly	Arg	Asn	Leu	Leu	Val	
		695				700					705					
gcg	ttc	atg	cct	tgg	gaa	ggc	cac	aac	tac	gag	gat	gcg	atc	atc	ctc	2275
Ala	Phe	Met	Pro	Trp	Glu	Gly	His	Asn	Tyr	Glu	Asp	Ala	Ile	Ile	Leu	
	710					715				720					725	
aac	cag	aac	atc	gtt	gag	cag	gac	atc	ttg	acc	tcg	atc	cac	atc	gag	2323
Asn	Gln	Asn	Ile	Val	Glu	Gln	Asp	Ile	Leu	Thr	Ser	Ile	His	Ile	Glu	
				730					735					740		
gag	cac	gag	atc	gat	gcc	cgc	gac	act	aag	ctt	ggc	gcc	gaa	gaa	atc	2371
Glu	His	Glu	Ile	Asp	Ala	Arg	Asp	Thr	Lys	Leu	Gly	Ala	Glu	Glu	Ile	
			745					750					755			
acc	cgc	gac	atc	cct	aat	gtg	tct	gaa	gaa	gtc	ctc	aag	gac	ctc	gac	2419
Thr	Arg	Asp	Ile	Pro	Asn	Val	Ser	Glu	Glu	Val	Leu	Lys	Asp	Leu	Asp	
			760				765					770				
gac	cgc	ggc	att	gtc	cgc	atc	ggc	gct	gat	gtt	cgt	gac	ggc	gac	atc	2467
Asp	Arg	Gly	Ile	Val	Arg	Ile	Gly	Ala	Asp	Val	Arg	Asp	Gly	Asp	Ile	
	775					780					785					
ctg	gtc	ggc	aag	gtc	acc	cct	aag	ggc	gag	acc	gag	ctc	acc	ccg	gaa	2515
Leu	Val	Gly	Lys	Val	Thr	Pro	Lys	Gly	Glu	Thr	Glu	Leu	Thr	Pro	Glu	
					795					800					805	
gag	cgc	ttg	ctg	cgc	gca	atc	ttc	ggc	gag	aag	gcc	cgc	gaa	gtt	cgc	2563
Glu	Arg	Leu	Leu	Arg	Ala	Ile	Phe	Gly	Glu	Lys	Ala	Arg	Glu	Val	Arg	
				810					815					820		
gat	acc	tcc	atg	aag	gtg	cct	cac	ggc	gag	acc	ggc	aag	gtc	atc	ggc	2611

Asp Thr Ser Met Lys Val Pro His Gly Glu Thr Gly Lys Val Ile Gly	
825 830 835	
gtg cgt cac ttc tcc cgc gag gac gac gac gat ctg gct cct ggc gtc	2659
Val Arg His Phe Ser Arg Glu Asp Asp Asp Asp Leu Ala Pro Gly Val	
840 845 850	
aac gag atg atc cgt atc tac gtt gct cag aag cgt aag atc cag gac	2707
Asn Glu Met Ile Arg Ile Tyr Val Ala Gln Lys Arg Lys Ile Gln Asp	
855 860 865	
ggc gat aag ctc gct ggc cgc cac ggt aac aag ggt gtt gtc ggt aaa	2755
Gly Asp Lys Leu Ala Gly Arg His Gly Asn Lys Gly Val Val Gly Lys	
870 875 880 885	
att ttg cct cag gaa gat atg cca ttc ctt cca gac ggc act cct gtt	2803
Ile Leu Pro Gln Glu Asp Met Pro Phe Leu Pro Asp Gly Thr Pro Val	
890 895 900	
gac atc atc ttg aac acc cac ggt gtt cca cgt cgt atg aac att ggt	2851
Asp Ile Ile Leu Asn Thr His Gly Val Pro Arg Arg Met Asn Ile Gly	
905 910 915	
cag gtt ctt gag acc cac ctt ggc tgg ctg gca tct gct ggt tgg tcc	2899
Gln Val Leu Glu Thr His Leu Gly Trp Leu Ala Ser Ala Gly Trp Ser	
920 925 930	
gtg gat cct gaa gat cct gag aac gct gag ctc gtc aag act ctg cct	2947
Val Asp Pro Glu Asp Pro Glu Asn Ala Glu Leu Val Lys Thr Leu Pro	
935 940 945	
gca gac ctc ctc gag gtt cct gct ggt tcc ttg act gca act cct gtg	2995
Ala Asp Leu Leu Glu Val Pro Ala Gly Ser Leu Thr Ala Thr Pro Val	
950 955 960 965	
ttc gac ggt gcg tca aac gaa gag ctc gca ggc ctg ctc gct aat tca	3043
Phe Asp Gly Ala Ser Asn Glu Glu Leu Ala Gly Leu Leu Ala Asn Ser	
970 975 980	
cgt cca aac cgc gac ggc gac gtc atg gtt aac gcg gat ggt aaa gca	3091
Arg Pro Asn Arg Asp Gly Asp Val Met Val Asn Ala Asp Gly Lys Ala	
985 990 995	
acg ctt atc gac ggt cgc tcc ggt gag cct tac ccg tac ccg gtt tcc	3139
Thr Leu Ile Asp Gly Arg Ser Gly Glu Pro Tyr Pro Tyr Pro Val Ser	
1000 1005 1010	
atc ggc tac atg tac atg ctg aag ctg cac cac ctc gtt gac gag aag	3187
Ile Gly Tyr Met Tyr Met Leu Lys Leu His His Leu Val Asp Glu Lys	
1015 1020 1025	
atc cac gca cgt tcc act ggt cct tac tcc atg att acc cag cag cca	3235
Ile His Ala Arg Ser Thr Gly Pro Tyr Ser Met Ile Thr Gln Gln Pro	
1030 1035 1040 1045	
ctg ggt ggt aaa gca cag ttc ggt gga cag cgt ttc ggc gaa atg gag	3283
Leu Gly Gly Lys Ala Gln Phe Gly Gly Gln Arg Phe Gly Glu Met Glu	
1050 1055 1060	
gtg tgg gca atg cag gca tac ggc gct gcc tac aca ctt cag gag ctg	3331
Val Trp Ala Met Gln Ala Tyr Gly Ala Ala Tyr Thr Leu Gln Glu Leu	
1065 1070 1075	
ctg acc atc aag tct gat gac gtg gtt ggc cgt gtc aag gtc tac gaa	3379

Leu Thr Ile Lys Ser Asp Asp Val Val Gly Arg Val Lys Val Tyr Glu
 1080 1085 1090
 gca att gtg aag ggc gag aac atc ccg gat cca ggt att cct gag tcc 3427
 Ala Ile Val Lys Gly Glu Asn Ile Pro Asp Pro Gly Ile Pro Glu Ser
 1095 1100 1105
 ttc aag gtt ctc ctc aag gag ctc cag tcc ttg tgc ctg aac gtg gag 3475
 Phe Lys Val Leu Leu Lys Glu Leu Gln Ser Leu Cys Leu Asn Val Glu
 1110 1115 1120 1125
 gtt ctc tcc gca gac ggc act cca atg gag ctc gcg ggt gac gac gac 3523
 Val Leu Ser Ala Asp Gly Thr Pro Met Glu Leu Ala Gly Asp Asp Asp
 1130 1135 1140
 gac ttc gat cag gca ggc gcc tca ctt ggc atc aac ctg tcc cgt gac 3571
 Asp Phe Asp Gln Ala Gly Ala Ser Leu Gly Ile Asn Leu Ser Arg Asp
 1145 1150 1155
 gag cgt tcc gac gcc gac acc gca tagcagatca gaaaacaacc gctagaaatc 3625
 Glu Arg Ser Asp Ala Asp Thr Ala
 1160 1165

<210> 28
 <211> 1165
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 28
 Val Leu Glu Gly Pro Ile Leu Ala Val Ser Arg Gln Thr Lys Ser Val
 1 5 10 15
 Val Asp Ile Pro Gly Ala Pro Gln Arg Tyr Ser Phe Ala Lys Val Ser
 20 25 30
 Ala Pro Ile Glu Val Pro Gly Leu Leu Asp Leu Gln Leu Asp Ser Tyr
 35 40 45
 Ser Trp Leu Ile Gly Thr Pro Glu Trp Arg Ala Arg Gln Lys Glu Glu
 50 55 60
 Phe Gly Glu Gly Ala Arg Val Thr Ser Gly Leu Glu Asn Ile Leu Glu
 65 70 75 80
 Glu Leu Ser Pro Ile Gln Asp Tyr Ser Gly Asn Met Ser Leu Ser Leu
 85 90 95
 Ser Glu Pro Arg Phe Glu Asp Val Lys Asn Thr Ile Asp Glu Ala Lys
 100 105 110
 Glu Lys Asp Ile Asn Tyr Ala Ala Pro Leu Tyr Val Thr Ala Glu Phe
 115 120 125
 Val Asn Asn Thr Thr Gly Glu Ile Lys Ser Gln Thr Val Phe Ile Gly
 130 135 140
 Asp Phe Pro Met Met Thr Asp Lys Gly Thr Phe Ile Ile Asn Gly Thr
 145 150 155 160
 Glu Arg Val Val Val Ser Gln Leu Val Arg Ser Pro Gly Val Tyr Phe
 165 170 175

Asp Gln Thr Ile Asp Lys Ser Thr Glu Arg Pro Leu His Ala Val Lys
 180 185 190
 Val Ile Pro Ser Arg Gly Ala Trp Leu Glu Phe Asp Val Asp Lys Arg
 195 200 205
 Asp Ser Val Gly Val Arg Ile Asp Arg Lys Arg Arg Gln Pro Val Thr
 210 215 220
 Val Leu Leu Lys Ala Leu Gly Trp Thr Thr Glu Gln Ile Thr Glu Arg
 225 230 235 240
 Phe Gly Phe Ser Glu Ile Met Met Ser Thr Leu Glu Ser Asp Gly Val
 245 250 255
 Ala Asn Thr Asp Glu Ala Leu Leu Glu Ile Tyr Arg Lys Gln Arg Pro
 260 265 270
 Gly Glu Gln Pro Thr Arg Asp Leu Ala Gln Ser Leu Leu Asp Asn Ser
 275 280 285
 Phe Phe Arg Ala Lys Arg Tyr Asp Leu Ala Arg Val Gly Arg Tyr Lys
 290 295 300
 Ile Asn Arg Lys Leu Gly Leu Gly Gly Asp His Asp Gly Leu Met Thr
 305 310 315 320
 Leu Thr Glu Glu Asp Ile Ala Thr Thr Ile Glu Tyr Leu Val Arg Leu
 325 330 335
 His Ala Gly Glu Arg Val Met Thr Ser Pro Asn Gly Glu Glu Ile Pro
 340 345 350
 Val Glu Thr Asp Asp Ile Asp His Phe Gly Asn Arg Arg Leu Arg Thr
 355 360 365
 Val Gly Glu Leu Ile Gln Asn Gln Val Arg Val Gly Leu Ser Arg Met
 370 375 380
 Glu Arg Val Val Arg Glu Arg Met Thr Thr Gln Asp Ala Glu Ser Ile
 385 390 395 400
 Thr Pro Thr Ser Leu Ile Asn Val Arg Pro Val Ser Ala Ala Ile Arg
 405 410 415
 Glu Phe Phe Gly Thr Ser Gln Leu Ser Gln Phe Met Asp Gln Asn Asn
 420 425 430
 Ser Leu Ser Gly Leu Thr His Lys Arg Arg Leu Ser Ala Leu Gly Pro
 435 440 445
 Gly Gly Leu Ser Arg Glu Arg Ala Gly Ile Glu Val Arg Asp Val His
 450 455 460
 Pro Ser His Tyr Gly Arg Met Cys Pro Ile Glu Thr Pro Glu Gly Pro
 465 470 475 480
 Asn Ile Gly Leu Ile Gly Ser Leu Ala Ser Tyr Ala Arg Val Asn Pro
 485 490 495
 Phe Gly Phe Ile Glu Thr Pro Tyr Arg Arg Ile Ile Asp Gly Lys Leu
 500 505 510
 Thr Asp Gln Ile Asp Tyr Leu Thr Ala Asp Glu Glu Asp Arg Phe Val

515	520	525
Val Ala Gln Ala Asn Thr His Tyr Asp Glu Glu Gly Asn Ile Thr Asp 530	535	540
Glu Thr Val Thr Val Arg Leu Lys Asp Gly Asp Ile Ala Met Val Gly 545	550	555 560
Arg Asn Ala Val Asp Tyr Met Asp Val Ser Pro Arg Gln Met Val Ser 565	570	575
Val Gly Thr Ala Met Ile Pro Phe Leu Glu His Asp Asp Ala Asn Arg 580	585	590
Ala Leu Met Gly Ala Asn Met Gln Lys Gln Ala Val Pro Leu Ile Arg 595	600	605
Ala Glu Ala Pro Phe Val Gly Thr Gly Met Glu Gln Arg Ala Ala Tyr 610	615	620
Asp Ala Gly Asp Leu Val Ile Thr Pro Val Ala Gly Val Val Glu Asn 625	630	635 640
Val Ser Ala Asp Phe Ile Thr Ile Met Ala Asp Asp Gly Lys Arg Glu 645	650	655
Thr Tyr Leu Leu Arg Lys Phe Gln Arg Thr Asn Gln Gly Thr Ser Tyr 660	665	670
Asn Gln Lys Pro Leu Val Asn Leu Gly Glu Arg Val Glu Ala Gly Gln 675	680	685
Val Ile Ala Asp Gly Pro Gly Thr Phe Asn Gly Glu Met Ser Leu Gly 690	695	700
Arg Asn Leu Leu Val Ala Phe Met Pro Trp Glu Gly His Asn Tyr Glu 705	710	715 720
Asp Ala Ile Ile Leu Asn Gln Asn Ile Val Glu Gln Asp Ile Leu Thr 725	730	735
Ser Ile His Ile Glu Glu His Glu Ile Asp Ala Arg Asp Thr Lys Leu 740	745	750
Gly Ala Glu Glu Ile Thr Arg Asp Ile Pro Asn Val Ser Glu Glu Val 755	760	765
Leu Lys Asp Leu Asp Asp Arg Gly Ile Val Arg Ile Gly Ala Asp Val 770	775	780
Arg Asp Gly Asp Ile Leu Val Gly Lys Val Thr Pro Lys Gly Glu Thr 785	790	795 800
Glu Leu Thr Pro Glu Glu Arg Leu Leu Arg Ala Ile Phe Gly Glu Lys 805	810	815
Ala Arg Glu Val Arg Asp Thr Ser Met Lys Val Pro His Gly Glu Thr 820	825	830
Gly Lys Val Ile Gly Val Arg His Phe Ser Arg Glu Asp Asp Asp Asp 835	840	845
Leu Ala Pro Gly Val Asn Glu Met Ile Arg Ile Tyr Val Ala Gln Lys 850	855	860

Arg Lys Ile Gln Asp Gly Asp Lys Leu Ala Gly Arg His Gly Asn Lys
 865 870 875 880
 Gly Val Val Gly Lys Ile Leu Pro Gln Glu Asp Met Pro Phe Leu Pro
 885 890 895
 Asp Gly Thr Pro Val Asp Ile Ile Leu Asn Thr His Gly Val Pro Arg
 900 905 910
 Arg Met Asn Ile Gly Gln Val Leu Glu Thr His Leu Gly Trp Leu Ala
 915 920 925
 Ser Ala Gly Trp Ser Val Asp Pro Glu Asp Pro Glu Asn Ala Glu Leu
 930 935 940
 Val Lys Thr Leu Pro Ala Asp Leu Leu Glu Val Pro Ala Gly Ser Leu
 945 950 955 960
 Thr Ala Thr Pro Val Phe Asp Gly Ala Ser Asn Glu Glu Leu Ala Gly
 965 970 975
 Leu Leu Ala Asn Ser Arg Pro Asn Arg Asp Gly Asp Val Met Val Asn
 980 985 990
 Ala Asp Gly Lys Ala Thr Leu Ile Asp Gly Arg Ser Gly Glu Pro Tyr
 995 1000 1005
 Pro Tyr Pro Val Ser Ile Gly Tyr Met Tyr Met Leu Lys Leu His His
 1010 1015 1020
 Leu Val Asp Glu Lys Ile His Ala Arg Ser Thr Gly Pro Tyr Ser Met
 1025 1030 1035 1040
 Ile Thr Gln Gln Pro Leu Gly Gly Lys Ala Gln Phe Gly Gly Gln Arg
 1045 1050 1055
 Phe Gly Glu Met Glu Val Trp Ala Met Gln Ala Tyr Gly Ala Ala Tyr
 1060 1065 1070
 Thr Leu Gln Glu Leu Leu Thr Ile Lys Ser Asp Asp Val Val Gly Arg
 1075 1080 1085
 Val Lys Val Tyr Glu Ala Ile Val Lys Gly Glu Asn Ile Pro Asp Pro
 1090 1095 1100
 Gly Ile Pro Glu Ser Phe Lys Val Leu Leu Lys Glu Leu Gln Ser Leu
 1105 1110 1115 1120
 Cys Leu Asn Val Glu Val Leu Ser Ala Asp Gly Thr Pro Met Glu Leu
 1125 1130 1135
 Ala Gly Asp Asp Asp Asp Phe Asp Gln Ala Gly Ala Ser Leu Gly Ile
 1140 1145 1150
 Asn Leu Ser Arg Asp Glu Arg Ser Asp Ala Asp Thr Ala
 1155 1160 1165

<210> 29

<211> 1582

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1552)

<223> RXA01345

<400> 29

```

cataacctca ttgaacatgc aaaactaatg cttttggggg gtatgcataa attcggtttcg 60
ttccactgca cagcccgaag atgctgctag ggtcaagttc atg cgt ttt gga ctt 115
                                     Met Arg Phe Gly Leu
                                     1           5

gac ttg gga act acc cgc aca atc gcg gcc gcc gtg gac cgc gga aac 163
Asp Leu Gly Thr Thr Arg Thr Ile Ala Ala Ala Val Asp Arg Gly Asn
                        10                        15                        20

tat ccc atc gtc act gtg gaa gat tct tta ggc gac acc cac gat ttc 211
Tyr Pro Ile Val Thr Val Glu Asp Ser Leu Gly Asp Thr His Asp Phe
                        25                        30                        35

att cca tct gtg gtg gcc ctc aag gca gat agg att gtc gcg ggt tgg 259
Ile Pro Ser Val Val Ala Leu Lys Ala Asp Arg Ile Val Ala Gly Trp
                        40                        45                        50

gat gct att gag gtt ggg cag gac cac cct tcc ttc gta cgt tct ttc 307
Asp Ala Ile Glu Val Gly Gln Asp His Pro Ser Phe Val Arg Ser Phe
                        55                        60                        65

aaa cgc cta ctc tct gaa ccc aat gtc acg gaa gcc acc ccg gtc tac 355
Lys Arg Leu Leu Ser Glu Pro Asn Val Thr Glu Ala Thr Pro Val Tyr
                        70                        75                        80                        85

ttg ggc gat cat gta cac cct ttg ggc gcc gtc ctg gag gct ttt gcg 403
Leu Gly Asp His Val His Pro Leu Gly Ala Val Leu Glu Ala Phe Ala
                        90                        95                        100

gaa aac gtg gtc act gcg ctg cgt gca ttt cag acg caa ttg gga gat 451
Glu Asn Val Val Thr Ala Leu Arg Ala Phe Gln Thr Gln Leu Gly Asp
                        105                        110                        115

acc tcc ccg atc gaa gta gtc att ggt gtg ccc gcc aac tcc cac agc 499
Thr Ser Pro Ile Glu Val Val Ile Gly Val Pro Ala Asn Ser His Ser
                        120                        125                        130

gcc cag cga ctg ctc acc atg tcc gcc ttc agc gcc aca ggc atc acc 547
Ala Gln Arg Leu Leu Thr Met Ser Ala Phe Ser Ala Thr Gly Ile Thr
                        135                        140                        145

gtt gtc ggt ttg gtc aat gag ccc agc gcc gca gct ttc gag tac acc 595
Val Val Gly Leu Val Asn Glu Pro Ser Ala Ala Ala Phe Glu Tyr Thr
                        150                        155                        160                        165

cac cgc cac gcc cgc acc tta aac tcc aag cgc caa gcc atc gtg gtt 643
His Arg His Ala Arg Thr Leu Asn Ser Lys Arg Gln Ala Ile Val Val
                        170                        175                        180

tat gat ttg gga ggc gga aca ttc gac tcc tcg ctc atc cgc atc gac 691
Tyr Asp Leu Gly Gly Thr Phe Asp Ser Ser Leu Ile Arg Ile Asp
                        185                        190                        195

ggc acc cac cac gag gtt gtg tcc tcc att ggc att tca cgc ctt ggt 739
Gly Thr His His Glu Val Val Ser Ser Ile Gly Ile Ser Arg Leu Gly
                        200                        205                        210

ggc gat gat ttc gat gaa atc ctc ctc caa tgc gcg ctc aag gcc gca 787

```


Gly	Asp	Asp	Phe	Asp	Glu	Ile	Leu	Leu	Gln	Cys	Ala	Leu	Lys	Ala	Ala		
215						220					225						
ggc	aga	cag	cac	gat	gcg	ttt	ggc	aag	cgt	gct	aaa	aac	acg	ctt	ctc	835	
Gly	Arg	Gln	His	Asp	Ala	Phe	Gly	Lys	Arg	Ala	Lys	Asn	Thr	Leu	Leu		
230					235					240					245		
gac	gaa	tcc	cg	aac	gcg	aag	gaa	gct	ctt	gtt	ccg	caa	tcc	cgt	cg	883	
Asp	Glu	Ser	Arg	Asn	Ala	Lys	Glu	Ala	Leu	Val	Pro	Gln	Ser	Arg	Arg		
				250					255					260			
ttg	gtt	cta	gaa	att	ggc	gac	gac	gac	atc	acc	gtt	cca	gtg	aac	aag	931	
Leu	Val	Leu	Glu	Ile	Gly	Asp	Asp	Asp	Ile	Thr	Val	Pro	Val	Asn	Lys		
			265					270					275				
ttc	tac	gag	gct	gcc	act	ccc	ctg	gtg	gaa	aaa	tcc	ttg	tcc	atc	atg	979	
Phe	Tyr	Glu	Ala	Ala	Thr	Pro	Leu	Val	Glu	Lys	Ser	Leu	Ser	Ile	Met		
		280					285					290					
gaa	ccc	ctc	atc	ggc	gtc	gat	gat	ctt	aaa	gat	tcc	gac	atc	gca	ggc	1027	
Glu	Pro	Leu	Ile	Gly	Val	Asp	Asp	Leu	Lys	Asp	Ser	Asp	Ile	Ala	Gly		
	295					300				305							
atc	tac	ctt	gtt	ggt	gga	gga	tcc	tcg	ctc	cca	ctc	gtt	tcc	agg	ttg	1075	
Ile	Tyr	Leu	Val	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Leu	Pro	Leu	Val	Ser	Arg	Leu		
310					315					320					325		
ctc	cg	gag	cgt	ttc	ggc	cg	cgt	gtc	cac	cg	tcc	cca	ttc	ccc	tca	1123	
Leu	Arg	Glu	Arg	Phe	Gly	Arg	Arg	Val	His	Arg	Ser	Pro	Phe	Pro	Ser		
				330					335					340			
ggt	tcc	act	gcg	gtg	ggt	ctg	gcc	atc	gcg	gct	gac	cct	tcc	tct	ggt	1171	
Gly	Ser	Thr	Ala	Val	Gly	Leu	Ala	Ile	Ala	Ala	Asp	Pro	Ser	Ser	Gly		
			345				350						355				
ttc	cac	cta	agg	gac	cg	gtt	gcg	cga	ggc	atc	ggt	gtg	ttc	cgt	gag	1219	
Phe	His	Leu	Arg	Asp	Arg	Val	Ala	Arg	Gly	Ile	Gly	Val	Phe	Arg	Glu		
		360					365					370					
cac	gat	tct	ggt	cgt	gcc	gtg	agc	ttt	gac	ccg	ctg	atc	gcc	ccg	gac	1267	
His	Asp	Ser	Gly	Arg	Ala	Val	Ser	Phe	Asp	Pro	Leu	Ile	Ala	Pro	Asp		
	375					380					385						
acc	gat	tct	gcg	acc	gtg	gcg	aaa	cga	tgc	tac	aag	gcg	gtg	cac	aac	1315	
Thr	Asp	Ser	Ala	Thr	Val	Ala	Lys	Arg	Cys	Tyr	Lys	Ala	Val	His	Asn		
390					395				400						405		
att	ggt	tgg	ttc	agg	ttc	gtg	gaa	tac	tcc	acc	gtg	tcc	gag	gat	ggc	1363	
Ile	Gly	Trp	Phe	Arg	Phe	Val	Glu	Tyr	Ser	Thr	Val	Ser	Glu	Asp	Gly		
			410					415						420			
agc	ccc	gga	gat	att	tcc	ctg	ctc	agt	gaa	atc	aag	att	cct	ttt	gat	1411	
Ser	Pro	Gly	Asp	Ile	Ser	Leu	Leu	Ser	Glu	Ile	Lys	Ile	Pro	Phe	Asp		
			425					430					435				
agc	tcc	atc	acc	gat	gtg	gat	gct	acc	gag	att	tca	cgt	ttc	gat	ggc	1459	
Ser	Ser	Ile	Thr	Asp	Val	Asp	Ala	Thr	Glu	Ile	Ser	Arg	Phe	Asp	Gly		
		440					445					450					
cca	gaa	gta	gaa	gaa	acc	atc	aca	gtc	aat	gac	aac	ggc	gtg	gct	tcc	1507	
Pro	Glu	Val	Glu	Glu	Thr	Ile	Thr	Val	Asn	Asp	Asn	Gly	Val	Ala	Ser		
	455					460					465						
att	tcc	atc	aag	ata	ctc	ggc	ggc	gtt	acc	gtc	gag	cac	aca	att		1552	

Ile Ser Ile Lys Ile Leu Gly Gly Val Thr Val Glu His Thr Ile
470 475 480

tagttaccat tttggtgctg gtggagtcga

1582

 $\langle 210 \rangle$ 30

<211> 484

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 30

Met Arg Phe Gly Leu Asp Leu Gly Thr Thr Arg Thr Ile Ala Ala Ala
1 5 10 15

Val Asp Arg Gly Asn Tyr Pro Ile Val Thr Val Glu Asp Ser Leu Gly
20 25 30

Asp Thr His Asp Phe Ile Pro Ser Val Val Ala Leu Lys Ala Asp Arg
35 40 45

Ile Val Ala Gly Trp Asp Ala Ile Glu Val Gly Gln Asp His Pro Ser
50 55 60

Phe Val Arg Ser Phe Lys Arg Leu Leu Ser Glu Pro Asn Val Thr Glu
65 70 75 80

Ala Thr Pro Val Tyr Leu Gly Asp His Val His Pro Leu Gly Ala Val
85 90 95

Leu Glu Ala Phe Ala Glu Asn Val Val Thr Ala Leu Arg Ala Phe Gln
100 105 110

Thr Gln Leu Gly Asp Thr Ser Pro Ile Glu Val Val Ile Gly Val Pro
115 120 125

Ala Asn Ser His Ser Ala Gln Arg Leu Leu Thr Met Ser Ala Phe Ser
130 135 140

Ala Thr Gly Ile Thr Val Val Gly Leu Val Asn Glu Pro Ser Ala Ala
145 150 155 160

Ala Phe Glu Tyr Thr His Arg His Ala Arg Thr Leu Asn Ser Lys Arg
165 170 175

Gln Ala Ile Val Val Tyr Asp Leu Gly Gly Gly Thr Phe Asp Ser Ser
180 185 190

Leu Ile Arg Ile Asp Gly Thr His His Glu Val Val Ser Ser Ile Gly
195 200 205

Ile Ser Arg Leu Gly Gly Asp Asp Phe Asp Glu Ile Leu Leu Gln Cys
210 215 220

Ala Leu Lys Ala Ala Gly Arg Gln His Asp Ala Phe Gly Lys Arg Ala
225 230 235 240

Lys Asn Thr Leu Leu Asp Glu Ser Arg Asn Ala Lys Glu Ala Leu Val
245 250 255

Pro Gln Ser Arg Arg Leu Val Leu Glu Ile Gly Asp Asp Asp Ile Thr
260 265 270

Val Pro Val Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Ala Thr Pro Leu Val Glu Lys

275					280					285					
Ser	Leu	Ser	Ile	Met	Glu	Pro	Leu	Ile	Gly	Val	Asp	Asp	Leu	Lys	Asp
290						295					300				
Ser	Asp	Ile	Ala	Gly	Ile	Tyr	Leu	Val	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Leu	Pro
305					310					315					320
Leu	Val	Ser	Arg	Leu	Leu	Arg	Glu	Arg	Phe	Gly	Arg	Arg	Val	His	Arg
				325					330					335	
Ser	Pro	Phe	Pro	Ser	Gly	Ser	Thr	Ala	Val	Gly	Leu	Ala	Ile	Ala	Ala
			340					345					350		
Asp	Pro	Ser	Ser	Gly	Phe	His	Leu	Arg	Asp	Arg	Val	Ala	Arg	Gly	Ile
		355					360					365			
Gly	Val	Phe	Arg	Glu	His	Asp	Ser	Gly	Arg	Ala	Val	Ser	Phe	Asp	Pro
370						375					380				
Leu	Ile	Ala	Pro	Asp	Thr	Asp	Ser	Ala	Thr	Val	Ala	Lys	Arg	Cys	Tyr
385					390					395					400
Lys	Ala	Val	His	Asn	Ile	Gly	Trp	Phe	Arg	Phe	Val	Glu	Tyr	Ser	Thr
				405					410					415	
Val	Ser	Glu	Asp	Gly	Ser	Pro	Gly	Asp	Ile	Ser	Leu	Leu	Ser	Glu	Ile
			420					425					430		
Lys	Ile	Pro	Phe	Asp	Ser	Ser	Ile	Thr	Asp	Val	Asp	Ala	Thr	Glu	Ile
		435					440					445			
Ser	Arg	Phe	Asp	Gly	Pro	Glu	Val	Glu	Glu	Thr	Ile	Thr	Val	Asn	Asp
	450					455					460				
Asn	Gly	Val	Ala	Ser	Ile	Ser	Ile	Lys	Ile	Leu	Gly	Gly	Val	Thr	Val
465					470					475					480

Glu His Thr Ile

<210> 31

<211> 1123

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1093)

<223> RXA01404

<220>

<221> unsure

<222> 12 .. 12

<223> All occurrences of n indicate any nucleotide

<400> 31

gtggatccgg tnttgtgatc cactacgcaa ttggagcgct ccaacacaag ctatatattgt 60

ttaaatgtcc tgtcaatagt tcaagagaaa atcacagaag atg agc aca tcc cgc 115

Met Ser Thr Ser Arg

1

5

ccc aca att tat gac gtc gcc aaa gcc gca ggc gtc tcc aaa tcc ttg 163

Pro Thr Ile Tyr Asp Val Ala Lys Ala Ala Gly Val Ser Lys Ser Leu	
10 15 20	
gtt tct ctc gtg ctt cgc ggc tcc ccc aac gtg agc aaa gaa tcc gaa	211
Val Ser Leu Val Leu Arg Gly Ser Pro Asn Val Ser Lys Glu Ser Glu	
25 30 35	
gcc gcg gtc aag acc gcg ata aaa aag ctc aac tac cag cca aat cgc	259
Ala Ala Val Lys Thr Ala Ile Lys Lys Leu Asn Tyr Gln Pro Asn Arg	
40 45 50	
gcc gca tca gac ctt gcg gcc aag cgc acg cag ctc att gca gtg ctt	307
Ala Ala Ser Asp Leu Ala Ala Lys Arg Thr Gln Leu Ile Ala Val Leu	
55 60 65	
atc gac gac tac tcc aac ccg tgg ttc atc gac ctg att caa agc ctc	355
Ile Asp Asp Tyr Ser Asn Pro Trp Phe Ile Asp Leu Ile Gln Ser Leu	
70 75 80 85	
agc gat gtg ctc acc ccc aag ggg tac cga ctg tcc gtc att gac tca	403
Ser Asp Val Leu Thr Pro Lys Gly Tyr Arg Leu Ser Val Ile Asp Ser	
90 95 100	
tta acc tct caa gcc ggc acc gat ccc att acc agt gca cta tca atg	451
Leu Thr Ser Gln Ala Gly Thr Asp Pro Ile Thr Ser Ala Leu Ser Met	
105 110 115	
cgc ccc gat gga atc atc atc gcc caa gac atc ccc gat ttc act gtc	499
Arg Pro Asp Gly Ile Ile Ile Ala Gln Asp Ile Pro Asp Phe Thr Val	
120 125 130	
ccc gat tcc cta ccc cca ttt gtc atc gca ggc acc aga atc acc caa	547
Pro Asp Ser Leu Pro Pro Phe Val Ile Ala Gly Thr Arg Ile Thr Gln	
135 140 145	
gcc agc acc cat gat tca gtg gcc aac gat gac ttc cgg ggc gca gaa	595
Ala Ser Thr His Asp Ser Val Ala Asn Asp Asp Phe Arg Gly Ala Glu	
150 155 160 165	
ata gcc aca aaa cac ctc atc gat ctt gga cac acc cac atc gcc cac	643
Ile Ala Thr Lys His Leu Ile Asp Leu Gly His Thr His Ile Ala His	
170 175 180	
cta cgc gtg gga agc ggc gct ggc tta cga cgc ttc gaa agc ttt gag	691
Leu Arg Val Gly Ser Gly Ala Gly Leu Arg Arg Phe Glu Ser Phe Glu	
185 190 195	
gca acc atg cgt gca cat ggc ctg gag ccg ctt tcc aac gat tac ctc	739
Ala Thr Met Arg Ala His Gly Leu Glu Pro Leu Ser Asn Asp Tyr Leu	
200 205 210	
ggc ccc gcc gtt gag cac gcc ggg tac acc gaa acc ctc gca cta ctc	787
Gly Pro Ala Val Glu His Ala Gly Tyr Thr Glu Thr Leu Ala Leu Leu	
215 220 225	
aaa gag cac ccg gag gtc acc gcc att ttc tcc tca aac gac atc acc	835
Lys Glu His Pro Glu Val Thr Ala Ile Phe Ser Ser Asn Asp Ile Thr	
230 235 240 245	
gcc atc gga gca ctc ggt gcc gcc cgt gaa cta ggt tta cgc gta cct	883
Ala Ile Gly Ala Leu Gly Ala Ala Arg Glu Leu Gly Leu Arg Val Pro	
250 255 260	
gaa gat cta tca ata atc gga tat gac aac act ccc ctc gcc caa acc	931

Glu Asp Leu Ser Ile Ile Gly Tyr Asp Asn Thr Pro Leu Ala Gln Thr
 265 270 275

cga ctg atc aac ctc acc acc atc gac gac aac agc atc ggc gtc ggc 979
 Arg Leu Ile Asn Leu Thr Thr Ile Asp Asp Asn Ser Ile Gly Val Gly
 280 285 290

tac aac gcc gct ctc ttg ttg ctg agc atg ctt gat ccc gag gca ccc 1027
 Tyr Asn Ala Ala Leu Leu Leu Leu Ser Met Leu Asp Pro Glu Ala Pro
 295 300 305

cac ccg gag atc atg cat acg ttg cag ccc tcg ctg att gaa cgg ggc 1075
 His Pro Glu Ile Met His Thr Leu Gln Pro Ser Leu Ile Glu Arg Gly
 310 315 320 325

acg tgc gcg cca cgt gga tagctacccc aaatacttgg acttcctaata 1123
 Thr Cys Ala Pro Arg Gly
 330

<210> 32

<211> 331

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 32

Met Ser Thr Ser Arg Pro Thr Ile Tyr Asp Val Ala Lys Ala Ala Gly
 1 5 10 15

Val Ser Lys Ser Leu Val Ser Leu Val Leu Arg Gly Ser Pro Asn Val
 20 25 30

Ser Lys Glu Ser Glu Ala Ala Val Lys Thr Ala Ile Lys Lys Leu Asn
 35 40 45

Tyr Gln Pro Asn Arg Ala Ala Ser Asp Leu Ala Ala Lys Arg Thr Gln
 50 55 60

Leu Ile Ala Val Leu Ile Asp Asp Tyr Ser Asn Pro Trp Phe Ile Asp
 65 70 75 80

Leu Ile Gln Ser Leu Ser Asp Val Leu Thr Pro Lys Gly Tyr Arg Leu
 85 90 95

Ser Val Ile Asp Ser Leu Thr Ser Gln Ala Gly Thr Asp Pro Ile Thr
 100 105 110

Ser Ala Leu Ser Met Arg Pro Asp Gly Ile Ile Ile Ala Gln Asp Ile
 115 120 125

Pro Asp Phe Thr Val Pro Asp Ser Leu Pro Pro Phe Val Ile Ala Gly
 130 135 140

Thr Arg Ile Thr Gln Ala Ser Thr His Asp Ser Val Ala Asn Asp Asp
 145 150 155 160

Phe Arg Gly Ala Glu Ile Ala Thr Lys His Leu Ile Asp Leu Gly His
 165 170 175

Thr His Ile Ala His Leu Arg Val Gly Ser Gly Ala Gly Leu Arg Arg
 180 185 190

Phe Glu Ser Phe Glu Ala Thr Met Arg Ala His Gly Leu Glu Pro Leu

195					200					205						
Ser	Asn	Asp	Tyr	Leu	Gly	Pro	Ala	Val	Glu	His	Ala	Gly	Tyr	Thr	Glu	
210					215					220						
Thr	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Glu	His	Pro	Glu	Val	Thr	Ala	Ile	Phe	Ser	
225					230					235					240	
Ser	Asn	Asp	Ile	Thr	Ala	Ile	Gly	Ala	Leu	Gly	Ala	Ala	Arg	Glu	Leu	
245					250					255						
Gly	Leu	Arg	Val	Pro	Glu	Asp	Leu	Ser	Ile	Ile	Gly	Tyr	Asp	Asn	Thr	
260					265					270						
Pro	Leu	Ala	Gln	Thr	Arg	Leu	Ile	Asn	Leu	Thr	Thr	Ile	Asp	Asp	Asn	
275					280					285						
Ser	Ile	Gly	Val	Gly	Tyr	Asn	Ala	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Ser	Met	Leu	
290					295					300						
Asp	Pro	Glu	Ala	Pro	His	Pro	Glu	Ile	Met	His	Thr	Leu	Gln	Pro	Ser	
305					310					315					320	
Leu	Ile	Glu	Arg	Gly	Thr	Cys	Ala	Pro	Arg	Gly						
325					330											

<210> 33

<211> 502

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(472)

<223> RXA01431

<400> 33

caccgcagct gggtccggtt gccgcgcagc gatcgatgca gagcattacc tagcttctct 60

ggcctaattc	acagttagcc	ttaaaccaaa	ccatgtacca	atg	aat	gtc	gga	ttc	115
				Met	Asn	Val	Gly	Phe	
				1				5	

ccc	agg	agt	ccc	gtc	att	gtt	aat	tta	gga	gaa	acc	atg	agc	aat	gtt	163
Pro	Arg	Ser	Pro	Val	Ile	Val	Asn	Leu	Gly	Glu	Thr	Met	Ser	Asn	Val	
				10				15						20		

gtt	gca	gta	acc	gag	cag	acc	ttc	aag	tcc	acc	gtc	atc	gat	tcc	gac	211
Val	Ala	Val	Thr	Glu	Gln	Thr	Phe	Lys	Ser	Thr	Val	Ile	Asp	Ser	Asp	
			25					30					35			

aag	cca	gtc	atc	gtt	gac	ttc	tgg	gca	gaa	tgg	tgt	ggc	ccc	tgc	aag	259
Lys	Pro	Val	Ile	Val	Asp	Phe	Trp	Ala	Glu	Trp	Cys	Gly	Pro	Cys	Lys	
		40					45					50				

aag	ctc	agc	ccc	atc	att	gag	gaa	atc	gca	ggc	gag	tac	ggc	gac	aag	307
Lys	Leu	Ser	Pro	Ile	Ile	Glu	Glu	Ile	Ala	Gly	Glu	Tyr	Gly	Asp	Lys	
		55				60					65					

gca	gtc	gtt	gcc	agc	gtc	gac	gtc	gat	gca	gag	cgt	acc	ttg	ggt	gcc	355
Ala	Val	Val	Ala	Ser	Val	Asp	Val	Asp	Ala	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Ala	
					75					80					85	

atg ttc cag att atg tcg att cct tct gtt ctc att ttc aaa aat ggt 403
 Met Phe Gln Ile Met Ser Ile Pro Ser Val Leu Ile Phe Lys Asn Gly
 90 95 100

gca aaa gtc gag gaa ttt gtc ggt ctg cgc ccc aag aac gaa att gtg 451
 Ala Lys Val Glu Glu Phe Val Gly Leu Arg Pro Lys Asn Glu Ile Val
 105 110 115

gaa aaa cta gag aag cac ctc tagctgggtat tcttactgca gtcacgtgga 502
 Glu Lys Leu Glu Lys His Leu
 120

<210> 34
 <211> 124
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 34
 Met Asn Val Gly Phe Pro Arg Ser Pro Val Ile Val Asn Leu Gly Glu
 1 5 10 15

Thr Met Ser Asn Val Val Ala Val Thr Glu Gln Thr Phe Lys Ser Thr
 20 25 30

Val Ile Asp Ser Asp Lys Pro Val Ile Val Asp Phe Trp Ala Glu Trp
 35 40 45

Cys Gly Pro Cys Lys Lys Leu Ser Pro Ile Ile Glu Glu Ile Ala Gly
 50 55 60

Glu Tyr Gly Asp Lys Ala Val Val Ala Ser Val Asp Val Asp Ala Glu
 65 70 75 80

Arg Thr Leu Gly Ala Met Phe Gln Ile Met Ser Ile Pro Ser Val Leu
 85 90 95

Ile Phe Lys Asn Gly Ala Lys Val Glu Glu Phe Val Gly Leu Arg Pro
 100 105 110

Lys Asn Glu Ile Val Glu Lys Leu Glu Lys His Leu
 115 120

<210> 35
 <211> 1495
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1465)
 <223> RXA01438

<400> 35
 ccattagcag tcgcaccccc ataggagtcg aatctacaag tggaaccccc gtcacatac 60

tccacatttt ttagaacccc ttttaaggaat cgaactttat atg tct cgc cct ttg 115
 Met Ser Arg Pro Leu
 1 5

cgt gtt gcc gtt gtc ggt gca ggt cca gca gga atc tac gcg tct gat 163

Arg	Val	Ala	Val	Val	Gly	Ala	Gly	Pro	Ala	Gly	Ile	Tyr	Ala	Ser	Asp	
				10					15					20		
ttg	ttg	atg	aaa	tcc	gac	acg	gac	gtg	cag	att	gat	ctt	ttt	gaa	cgt	211
Leu	Leu	Met	Lys	Ser	Asp	Thr	Asp	Val	Gln	Ile	Asp	Leu	Phe	Glu	Arg	
			25					30					35			
atg	cca	gcg	cct	ttc	ggg	ttg	atc	cgt	tat	ggg	gtt	gag	cct	gat	cac	259
Met	Pro	Ala	Pro	Phe	Gly	Leu	Ile	Arg	Tyr	Gly	Val	Ala	Pro	Asp	His	
			40					45				50				
cct	cgc	atc	aag	ggc	atc	gtg	aag	tcc	ctg	cac	aat	gtg	atg	gac	aag	307
Pro	Arg	Ile	Lys	Gly	Ile	Val	Lys	Ser	Leu	His	Asn	Val	Met	Asp	Lys	
			55					60				65				
gag	cag	ctg	cgt	ttc	ttg	ggc	aac	att	gag	gtc	ggc	aag	gac	atc	act	355
Glu	Gln	Leu	Arg	Phe	Leu	Gly	Asn	Ile	Glu	Val	Gly	Lys	Asp	Ile	Thr	
			70			75				80					85	
gtt	gag	gag	ttg	cgt	gag	ttt	tat	gac	gag	atc	gtg	ttc	tcc	act	ggc	403
Val	Glu	Glu	Leu	Arg	Glu	Phe	Tyr	Asp	Ala	Ile	Val	Phe	Ser	Thr	Gly	
				90					95					100		
gct	act	ggc	gac	cag	gat	ctt	cgg	gtt	cca	ggg	tct	gat	ctg	gaa	ggg	451
Ala	Thr	Gly	Asp	Gln	Asp	Leu	Arg	Val	Pro	Gly	Ser	Asp	Leu	Glu	Gly	
			105					110					115			
tcg	tgg	ggc	gct	ggc	gag	ttc	gtt	ggg	ttc	tat	gat	ggc	aac	ccg	aac	499
Ser	Trp	Gly	Ala	Gly	Glu	Phe	Val	Gly	Phe	Tyr	Asp	Gly	Asn	Pro	Asn	
			120					125				130				
ttt	gaa	cgc	aac	tgg	gat	ctt	tct	gct	gag	aag	gta	gag	gtt	gtt	ggg	547
Phe	Glu	Arg	Asn	Trp	Asp	Leu	Ser	Ala	Glu	Lys	Val	Ala	Val	Val	Gly	
			135					140			145					
gtc	ggg	aac	gtg	gag	ttg	gac	gtt	gct	cgt	att	ttg	gag	aag	act	ggc	595
Val	Gly	Asn	Val	Ala	Leu	Asp	Val	Ala	Arg	Ile	Leu	Ala	Lys	Thr	Gly	
					155				160						165	
gat	gag	ctg	cta	gtt	act	gaa	atc	cct	gac	aat	gtc	tat	gag	agc	ttg	643
Asp	Glu	Leu	Leu	Val	Thr	Glu	Ile	Pro	Asp	Asn	Val	Tyr	Glu	Ser	Leu	
				170					175					180		
gct	aag	aat	cag	gct	aag	gaa	gtg	cac	gtt	ttt	ggg	cgt	cgt	gga	cct	691
Ala	Lys	Asn	Gln	Ala	Lys	Glu	Val	His	Val	Phe	Gly	Arg	Arg	Gly	Pro	
			185					190					195			
gct	cag	gag	aag	ttc	act	ccg	ttg	gag	ctg	aag	gaa	ctt	gac	cat	tcc	739
Ala	Gln	Ala	Lys	Phe	Thr	Pro	Leu	Glu	Leu	Lys	Glu	Leu	Asp	His	Ser	
			200					205					210			
gac	acc	atc	gag	gtg	atc	gtg	aac	cct	gag	gac	att	gat	tac	gat	gca	787
Asp	Thr	Ile	Glu	Val	Ile	Val	Asn	Pro	Glu	Asp	Ile	Asp	Tyr	Asp	Ala	
			215					220			225					
gct	tcg	gag	cag	gct	cgt	cgt	gat	tcc	aag	tct	cag	gac	ctc	gtg	tgc	835
Ala	Ser	Glu	Gln	Ala	Arg	Arg	Asp	Ser	Lys	Ser	Gln	Asp	Leu	Val	Cys	
					235					240					245	
cag	act	ttg	gaa	agc	tac	gag	atg	cgc	gat	cct	aag	ggc	gct	cct	cac	883
Gln	Thr	Leu	Glu	Ser	Tyr	Ala	Met	Arg	Asp	Pro	Lys	Gly	Ala	Pro	His	
				250					255					260		
aag	ctg	ttc	att	cac	ttc	ttt	gag	tcc	cca	gtg	gag	atc	ctc	ggg	gag	931

Lys Leu Phe Ile His Phe Phe Glu Ser Pro Val Glu Ile Leu Gly Glu
 265 270 275
 gac ggc aag gtt gtt ggc ctc aag act gag cgt act cag ctg gac ggc 979
 Asp Gly Lys Val Val Gly Leu Lys Thr Glu Arg Thr Gln Leu Asp Gly
 280 285 290
 aac ggt ggc gtg act ggc acc ggc gag ttc aag acc tgg gat atg cag 1027
 Asn Gly Gly Val Thr Gly Thr Gly Glu Phe Lys Thr Trp Asp Met Gln
 295 300 305
 tca gtt tac cgc gcg gta ggt tac cgt tct gat gcg atc gag ggt gtt 1075
 Ser Val Tyr Arg Ala Val Gly Tyr Arg Ser Asp Ala Ile Glu Gly Val
 310 315 320 325
 cct ttt gac gat gag cgc gcg gtt gtc ccc aac gac ggc ggc cac atc 1123
 Pro Phe Asp Asp Glu Arg Ala Val Val Pro Asn Asp Gly Gly His Ile
 330 335 340
 atc gat cct gag gtc ggc tcc ccc atc act ggc ctg tac gcc act ggc 1171
 Ile Asp Pro Glu Val Gly Ser Pro Ile Thr Gly Leu Tyr Ala Thr Gly
 345 350 355
 tgg atc aag cgt ggc cca att gga ctg atc ggc aac acc aag tcc gac 1219
 Trp Ile Lys Arg Gly Pro Ile Gly Leu Ile Gly Asn Thr Lys Ser Asp
 360 365 370
 gcc aag gaa acc act gag atg ctg ctt gct gat cac gct gct ggt tct 1267
 Ala Lys Glu Thr Thr Glu Met Leu Leu Ala Asp His Ala Ala Gly Ser
 375 380 385
 ttg cct gcg cct gca aag cct gag ttg gag tcc atc att gag ttc ctc 1315
 Leu Pro Ala Pro Ala Lys Pro Glu Leu Glu Ser Ile Ile Glu Phe Leu
 390 395 400 405
 gat gag cgc aag gtt gcg ttc acc aca tgg gat ggc tgg cac ctg ctg 1363
 Asp Glu Arg Lys Val Ala Phe Thr Thr Trp Asp Gly Trp His Leu Leu
 410 415 420
 gat gct gcg gag cgc gcg ctg ggt gag cct gag ggc cgc gag cgc aag 1411
 Asp Ala Ala Glu Arg Ala Leu Gly Glu Pro Glu Gly Arg Glu Arg Lys
 425 430 435
 aag atc gtt gag tgg aat gac atg gtg cgc cat gct cgt cca gaa tac 1459
 Lys Ile Val Glu Trp Asn Asp Met Val Arg His Ala Arg Pro Glu Tyr
 440 445 450
 gac atc taaagtcgct taaagcctca aaaaagggcg 1495
 Asp Ile
 455

<210> 36

<211> 455

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 36

Met Ser Arg Pro Leu Arg Val Ala Val Val Gly Ala Gly Pro Ala Gly
 1 5 10 15

Ile Tyr Ala Ser Asp Leu Leu Met Lys Ser Asp Thr Asp Val Gln Ile

20					25					30					
Asp	Leu	Phe	Glu	Arg	Met	Pro	Ala	Pro	Phe	Gly	Leu	Ile	Arg	Tyr	Gly
	35						40					45			
Val	Ala	Pro	Asp	His	Pro	Arg	Ile	Lys	Gly	Ile	Val	Lys	Ser	Leu	His
	50					55					60				
Asn	Val	Met	Asp	Lys	Glu	Gln	Leu	Arg	Phe	Leu	Gly	Asn	Ile	Glu	Val
	65					70					75				80
Gly	Lys	Asp	Ile	Thr	Val	Glu	Glu	Leu	Arg	Glu	Phe	Tyr	Asp	Ala	Ile
			85						90					95	
Val	Phe	Ser	Thr	Gly	Ala	Thr	Gly	Asp	Gln	Asp	Leu	Arg	Val	Pro	Gly
			100					105					110		
Ser	Asp	Leu	Glu	Gly	Ser	Trp	Gly	Ala	Gly	Glu	Phe	Val	Gly	Phe	Tyr
	115						120					125			
Asp	Gly	Asn	Pro	Asn	Phe	Glu	Arg	Asn	Trp	Asp	Leu	Ser	Ala	Glu	Lys
	130						135					140			
Val	Ala	Val	Val	Gly	Val	Gly	Asn	Val	Ala	Leu	Asp	Val	Ala	Arg	Ile
	145					150					155				160
Leu	Ala	Lys	Thr	Gly	Asp	Glu	Leu	Leu	Val	Thr	Glu	Ile	Pro	Asp	Asn
				165					170					175	
Val	Tyr	Glu	Ser	Leu	Ala	Lys	Asn	Gln	Ala	Lys	Glu	Val	His	Val	Phe
			180					185					190		
Gly	Arg	Arg	Gly	Pro	Ala	Gln	Ala	Lys	Phe	Thr	Pro	Leu	Glu	Leu	Lys
		195					200					205			
Glu	Leu	Asp	His	Ser	Asp	Thr	Ile	Glu	Val	Ile	Val	Asn	Pro	Glu	Asp
	210						215					220			
Ile	Asp	Tyr	Asp	Ala	Ala	Ser	Glu	Gln	Ala	Arg	Arg	Asp	Ser	Lys	Ser
	225					230					235				240
Gln	Asp	Leu	Val	Cys	Gln	Thr	Leu	Glu	Ser	Tyr	Ala	Met	Arg	Asp	Pro
				245					250					255	
Lys	Gly	Ala	Pro	His	Lys	Leu	Phe	Ile	His	Phe	Phe	Glu	Ser	Pro	Val
		260						265					270		
Glu	Ile	Leu	Gly	Glu	Asp	Gly	Lys	Val	Val	Gly	Leu	Lys	Thr	Glu	Arg
	275						280					285			
Thr	Gln	Leu	Asp	Gly	Asn	Gly	Gly	Val	Thr	Gly	Thr	Gly	Glu	Phe	Lys
	290						295					300			
Thr	Trp	Asp	Met	Gln	Ser	Val	Tyr	Arg	Ala	Val	Gly	Tyr	Arg	Ser	Asp
	305					310					315				320
Ala	Ile	Glu	Gly	Val	Pro	Phe	Asp	Asp	Glu	Arg	Ala	Val	Val	Pro	Asn
				325					330					335	
Asp	Gly	Gly	His	Ile	Ile	Asp	Pro	Glu	Val	Gly	Ser	Pro	Ile	Thr	Gly
			340					345					350		
Leu	Tyr	Ala	Thr	Gly	Trp	Ile	Lys	Arg	Gly	Pro	Ile	Gly	Leu	Ile	Gly
		355					360					365			

Asn Thr Lys Ser Asp Ala Lys Glu Thr Thr Glu Met Leu Leu Ala Asp
 370 375 380
 His Ala Ala Gly Ser Leu Pro Ala Pro Ala Lys Pro Glu Leu Glu Ser
 385 390 395 400
 Ile Ile Glu Phe Leu Asp Glu Arg Lys Val Ala Phe Thr Thr Trp Asp
 405 410 415
 Gly Trp His Leu Leu Asp Ala Ala Glu Arg Ala Leu Gly Glu Pro Glu
 420 425 430
 Gly Arg Glu Arg Lys Lys Ile Val Glu Trp Asn Asp Met Val Arg His
 435 440 445
 Ala Arg Pro Glu Tyr Asp Ile
 450 455

<210> 37
 <211> 1021
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(991)
 <223> RXA01490

<400> 37
 cacaccaatg gtgactactg atccttgaag atcagccgga acgctgtcta gtccactcca 60
 aatatocact gtttttagact acggcataga ctcaacagac atg aat gct cct gcc 115
 Met Asn Ala Pro Ala
 1 5
 cct aaa cct gga ctc gtg atc gtc gac aag ccc gcc gga atg aca tcc 163
 Pro Lys Pro Gly Leu Val Ile Val Asp Lys Pro Ala Gly Met Thr Ser
 10 15 20
 cat gac gtg gtg tcc aaa ttg cgc cgc gca ttt tcc acc cgc aaa gta 211
 His Asp Val Val Ser Lys Leu Arg Arg Ala Phe Ser Thr Arg Lys Val
 25 30 35
 ggc cac gca ggc acc ctc gac ccc atg gca acc ggc gtg tta gtc gtc 259
 Gly His Ala Gly Thr Leu Asp Pro Met Ala Thr Gly Val Leu Val Val
 40 45 50
 gga att gag cgc gga acc cgc ttc ctg gca cac atg gtg gcc tcc acc 307
 Gly Ile Glu Arg Gly Thr Arg Phe Leu Ala His Met Val Ala Ser Thr
 55 60 65
 aaa gcc tac gac gcc acc att cga ctc ggc gcc gcc acc agc acc gat 355
 Lys Ala Tyr Asp Ala Thr Ile Arg Leu Gly Ala Ala Thr Ser Thr Asp
 70 75 80 85
 gat gca gaa ggc gag gtt atc tcc aca aca gac gca tcc ggc ctc gac 403
 Asp Ala Glu Gly Glu Val Ile Ser Thr Thr Asp Ala Ser Gly Leu Asp
 90 95 100
 cac agc acc atc ctt gct gaa atc gtc aac ctc acc ggc gac atc atg 451
 His Ser Thr Ile Leu Ala Glu Ile Val Asn Leu Thr Gly Asp Ile Met
 105 110 115

caa aaa ccc acc aaa gtc tcc gcc atc aaa atc gac ggc aaa cgc gcc 499
 Gln Lys Pro Thr Lys Val Ser Ala Ile Lys Ile Asp Gly Lys Arg Ala
 120 125 130
 cac gaa cgc gtc cgc gac ggc gaa gaa gta gac att ccc gca cgt ccc 547
 His Glu Arg Val Arg Asp Gly Glu Glu Val Asp Ile Pro Ala Arg Pro
 135 140 145
 gtc acc gtc agc gtc ttt gac gtg ctc gac tac cac gtc gac ggt gaa 595
 Val Thr Val Ser Val Phe Asp Val Leu Asp Tyr His Val Asp Gly Glu
 150 155 160 165
 ttt tat gac tta gat gtg cgc gtc cac tgc tcc tcc ggc acc tac atc 643
 Phe Tyr Asp Leu Asp Val Arg Val His Cys Ser Ser Gly Thr Tyr Ile
 170 175 180
 cgc gcg ctc gcc cgc gac ctc ggc aac gct ttg cag gtc ggc ggc cac 691
 Arg Ala Leu Ala Arg Asp Leu Gly Asn Ala Leu Gln Val Gly Gly His
 185 190 195
 ctg acc gcg ctt agg cgc aca gag gtc ggc cct ttt acg ctt aac gac 739
 Leu Thr Ala Leu Arg Arg Thr Glu Val Gly Pro Phe Thr Leu Asn Asp
 200 205 210
 gcg acc ccc ctc tcc aaa ctc caa gag aat cca gaa ctc tcc ctc aac 787
 Ala Thr Pro Leu Ser Lys Leu Gln Glu Asn Pro Glu Leu Ser Leu Asn
 215 220 225
 ctc gac cag gca ctc acc cgc agt tac cca gtc ctt gac atc acc gaa 835
 Leu Asp Gln Ala Leu Thr Arg Ser Tyr Pro Val Leu Asp Ile Thr Glu
 230 235 240 245
 gac gaa ggc gtt gac ctg tcc atg ggc aaa tgg ttg gaa cct cgc gga 883
 Asp Glu Gly Val Asp Leu Ser Met Gly Lys Trp Leu Glu Pro Arg Gly
 250 255 260
 ctg aaa ggc gtc cac gct gca gta aca cca tca gga aaa gcc gtg gcg 931
 Leu Lys Gly Val His Ala Ala Val Thr Pro Ser Gly Lys Ala Val Ala
 265 270 275
 ctc atc gaa gaa aag ggc aaa cgc ctg gcc acc gtg ttt gtt gct cac 979
 Leu Ile Glu Glu Lys Gly Lys Arg Leu Ala Thr Val Phe Val Ala His
 280 285 290
 ccc aac act ctt tagttggtct gccagaagcc gatttaagag 1021
 Pro Asn Thr Leu
 295

<210> 38

<211> 297

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 38

Met Asn Ala Pro Ala Pro Lys Pro Gly Leu Val Ile Val Asp Lys Pro
 1 5 10 15

Ala Gly Met Thr Ser His Asp Val Val Ser Lys Leu Arg Arg Ala Phe
 20 25 30

Ser Thr Arg Lys Val Gly His Ala Gly Thr Leu Asp Pro Met Ala Thr

35					40					45						
Gly	Val	Leu	Val	Val	Gly	Ile	Glu	Arg	Gly	Thr	Arg	Phe	Leu	Ala	His	
50					55					60						
Met	Val	Ala	Ser	Thr	Lys	Ala	Tyr	Asp	Ala	Thr	Ile	Arg	Leu	Gly	Ala	
65					70					75					80	
Ala	Thr	Ser	Thr	Asp	Asp	Ala	Glu	Gly	Glu	Val	Ile	Ser	Thr	Thr	Asp	
85					90					95						
Ala	Ser	Gly	Leu	Asp	His	Ser	Thr	Ile	Leu	Ala	Glu	Ile	Val	Asn	Leu	
100					105					110						
Thr	Gly	Asp	Ile	Met	Gln	Lys	Pro	Thr	Lys	Val	Ser	Ala	Ile	Lys	Ile	
115					120					125						
Asp	Gly	Lys	Arg	Ala	His	Glu	Arg	Val	Arg	Asp	Gly	Glu	Glu	Val	Asp	
130					135					140						
Ile	Pro	Ala	Arg	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Val	Phe	Asp	Val	Leu	Asp	Tyr	
145					150					155					160	
His	Val	Asp	Gly	Glu	Phe	Tyr	Asp	Leu	Asp	Val	Arg	Val	His	Cys	Ser	
165					170					175						
Ser	Gly	Thr	Tyr	Ile	Arg	Ala	Leu	Ala	Arg	Asp	Leu	Gly	Asn	Ala	Leu	
180					185					190						
Gln	Val	Gly	Gly	His	Leu	Thr	Ala	Leu	Arg	Arg	Thr	Glu	Val	Gly	Pro	
195					200					205						
Phe	Thr	Leu	Asn	Asp	Ala	Thr	Pro	Leu	Ser	Lys	Leu	Gln	Glu	Asn	Pro	
210					215					220						
Glu	Leu	Ser	Leu	Asn	Leu	Asp	Gln	Ala	Leu	Thr	Arg	Ser	Tyr	Pro	Val	
225					230					235					240	
Leu	Asp	Ile	Thr	Glu	Asp	Glu	Gly	Val	Asp	Leu	Ser	Met	Gly	Lys	Trp	
245					250					255						
Leu	Glu	Pro	Arg	Gly	Leu	Lys	Gly	Val	His	Ala	Ala	Val	Thr	Pro	Ser	
260					265					270						
Gly	Lys	Ala	Val	Ala	Leu	Ile	Glu	Glu	Lys	Gly	Lys	Arg	Leu	Ala	Thr	
275					280					285						
Val	Phe	Val	Ala	His	Pro	Asn	Thr	Leu								
290					295											

<210> 39

<211> 1441

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1411)

<223> RXA01493

<400> 39

cctgctgcag gctataccgc tcgtggtacg gaaatcgaag cctcgcatac gttgattgaa 60

gcaaccgtta ccttggggga gtctttgcga agctcggcgc atg tcg atg tct aac 115

Ser Phe Gln Val Ala Phe Leu Ser Ala Ala Ala Val Ala Ala Arg Phe
 250 255 260

ggc acg gca tcc ttg gcg gcc cac cag gtg ttg ctt cag ctg tgg aat 931
 Gly Thr Ala Ser Leu Ala Ala His Gln Val Leu Leu Gln Leu Trp Asn
 265 270 275

ttc atc aca ttg gtg ctg gat tct cta gct atc gcg gcg cag acc tta 979
 Phe Ile Thr Leu Val Leu Asp Ser Leu Ala Ile Ala Ala Gln Thr Leu
 280 285 290

act ggt gca gcc ctg ggc gct gga act gcg aag gtc gcc cgc agg gtg 1027
 Thr Gly Ala Ala Leu Gly Ala Gly Thr Ala Lys Val Ala Arg Arg Val
 295 300 305

ggc aat cag gtg att aag tac tct ctg att ttc gct ggt ggc tta ggt 1075
 Gly Asn Gln Val Ile Lys Tyr Ser Leu Ile Phe Ala Gly Gly Leu Gly
 310 315 320 325

ttg gtg ttc gtg gtc tta cac tcg tgg att ccg cgt att ttc act cag 1123
 Leu Val Phe Val Val Leu His Ser Trp Ile Pro Arg Ile Phe Thr Gln
 330 335 340

gac gcc gac gtt tta gat gcg att gct tcc ccg tgg tgg atc atg gtc 1171
 Asp Ala Asp Val Leu Asp Ala Ile Ala Ser Pro Trp Trp Ile Met Val
 345 350 355

gcg atg atc att ttg ggt ggc att gtc ttt gct att gat ggt gtg ctg 1219
 Ala Met Ile Ile Leu Gly Gly Ile Val Phe Ala Ile Asp Gly Val Leu
 360 365 370

ttg ggt gct gct gac gcg gtg ttc ctc cga aat gcc tct atc ttg gcg 1267
 Leu Gly Ala Ala Asp Ala Val Phe Leu Arg Asn Ala Ser Ile Leu Ala
 375 380 385

gtt gtg gtc gga ttc tta cca ggc gtc tgg att tcc tat gca tta gat 1315
 Val Val Val Gly Phe Leu Pro Gly Val Trp Ile Ser Tyr Ala Leu Asp
 390 395 400 405

gca ggg ctg aca ggc gtg tgg tgt ggt ttg ctg gcg ttt att ctg atc 1363
 Ala Gly Leu Thr Gly Val Trp Cys Gly Leu Leu Ala Phe Ile Leu Ile
 410 415 420

cga cta ttt gcg gtg att tgg cgg ttt aag tct atg aag tgg gcg cgt 1411
 Arg Leu Phe Ala Val Ile Trp Arg Phe Lys Ser Met Lys Trp Ala Arg
 425 430 435

tagcttcggc gcgtggcaaa ccacatttgc 1441

<210> 40

<211> 437

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 40

Met Ser Met Ser Asn Asn Asp Phe Glu His Glu Ser His Asp Val Ser
 1 5 10 15

Ala Lys Gln Ile Phe Gly Leu Ala Phe Pro Ala Leu Gly Val Leu Ala
 20 25 30

Ala Met Pro Leu Tyr Leu Leu Leu Asp Thr Ala Val Val Gly Thr Leu

35					40					45						
Gly	Gly	Phe	Glu	Leu	Ala	Ala	Leu	Gly	Ala	Ala	Thr	Thr	Ile	Gln	Ala	
50					55					60						
Gln	Val	Thr	Thr	Gln	Leu	Thr	Phe	Leu	Ser	Tyr	Gly	Thr	Thr	Ala	Arg	
65					70					75					80	
Ser	Ser	Arg	Ile	Phe	Gly	Met	Gly	Asp	Arg	Arg	Gly	Ala	Ile	Ala	Glu	
85					90					95						
Gly	Val	Gln	Ala	Thr	Trp	Val	Ala	Leu	Phe	Val	Gly	Leu	Gly	Ile	Leu	
100					105					110						
Thr	Leu	Met	Leu	Ile	Gly	Ala	Pro	Thr	Phe	Ala	Leu	Trp	Leu	Ser	Gly	
115					120					125						
Asp	Glu	Ala	Leu	Ala	Gln	Glu	Ala	Gly	His	Trp	Leu	Arg	Val	Ala	Ala	
130					135					140						
Phe	Ala	Val	Pro	Leu	Ile	Leu	Met	Ile	Met	Ala	Gly	Asn	Gly	Trp	Leu	
145					150					155					160	
Arg	Gly	Ile	Gln	Asn	Thr	Lys	Leu	Pro	Leu	Tyr	Phe	Thr	Leu	Ala	Gly	
165					170					175						
Val	Ile	Pro	Gly	Ala	Ile	Leu	Ile	Pro	Ile	Phe	Val	Ala	Lys	Phe	Gly	
180					185					190						
Leu	Val	Gly	Ser	Ala	Trp	Ala	Asn	Leu	Ile	Ala	Glu	Ala	Ile	Thr	Ala	
195					200					205						
Ser	Leu	Phe	Leu	Gly	Ala	Leu	Ile	Lys	His	His	Glu	Gly	Ser	Trp	Lys	
210					215					220						
Pro	Ser	Trp	Thr	Val	Met	Lys	Asn	Gln	Leu	Val	Leu	Gly	Arg	Asp	Leu	
225					230					235					240	
Ile	Met	Arg	Ser	Met	Ser	Phe	Gln	Val	Ala	Phe	Leu	Ser	Ala	Ala	Ala	
245					250					255						
Val	Ala	Ala	Arg	Phe	Gly	Thr	Ala	Ser	Leu	Ala	Ala	His	Gln	Val	Leu	
260					265					270						
Leu	Gln	Leu	Trp	Asn	Phe	Ile	Thr	Leu	Val	Leu	Asp	Ser	Leu	Ala	Ile	
275					280					285						
Ala	Ala	Gln	Thr	Leu	Thr	Gly	Ala	Ala	Leu	Gly	Ala	Gly	Thr	Ala	Lys	
290					295					300						
Val	Ala	Arg	Arg	Val	Gly	Asn	Gln	Val	Ile	Lys	Tyr	Ser	Leu	Ile	Phe	
305					310					315					320	
Ala	Gly	Gly	Leu	Gly	Leu	Val	Phe	Val	Val	Leu	His	Ser	Trp	Ile	Pro	
325					330					335						
Arg	Ile	Phe	Thr	Gln	Asp	Ala	Asp	Val	Leu	Asp	Ala	Ile	Ala	Ser	Pro	
340					345					350						
Trp	Trp	Ile	Met	Val	Ala	Met	Ile	Ile	Leu	Gly	Gly	Ile	Val	Phe	Ala	
355					360					365						
Ile	Asp	Gly	Val	Leu	Leu	Gly	Ala	Ala	Asp	Ala	Val	Phe	Leu	Arg	Asn	
370					375					380						

Ala Ser Ile Leu Ala Val Val Val Gly Phe Leu Pro Gly Val Trp Ile
 385 390 395 400

Ser Tyr Ala Leu Asp Ala Gly Leu Thr Gly Val Trp Cys Gly Leu Leu
 405 410 415

Ala Phe Ile Leu Ile Arg Leu Phe Ala Val Ile Trp Arg Phe Lys Ser
 420 425 430

Met Lys Trp Ala Arg
 435

<210> 41
 <211> 2056
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2026)
 <223> RXA01559

<400> 41
 ctttctcgcg cgtgtcgcac tcacccacgc cacctggcgt ggggtgagtgg cgcattggagt 60

gggtgggcgt cgacaagcgt ggttgtctgg ttgattggaa ttg aag gag act ttc 115
 Leu Lys Glu Thr Phe
 1 5

ttg gct cgg caa aaa aag agt gcc gct agc gcc tgg gaa cga tgg cca 163
 Leu Ala Arg Gln Lys Lys Ser Ala Ala Ser Ala Trp Glu Arg Trp Pro
 10 15 20

aaa cgc gca ata gcg ttg ttt gtg ctc atc gtc gtt ggt gtt tat gcg 211
 Lys Arg Ala Ile Ala Leu Phe Val Leu Ile Val Val Gly Val Tyr Ala
 25 30 35

ttg gtg ctg ttg aca ggc gat cgt tct gcc aca cca aaa ttg ggt att 259
 Leu Val Leu Leu Thr Gly Asp Arg Ser Ala Thr Pro Lys Leu Gly Ile
 40 45 50

gat ctg caa ggc gga acc cga gtg acc ctc gtg ccg cag ggg cag gat 307
 Asp Leu Gln Gly Gly Thr Arg Val Thr Leu Val Pro Gln Gly Gln Asp
 55 60 65

cca act cag gac cag ctg aat cag gca cgc acc att ctg gaa aac cgt 355
 Pro Thr Gln Asp Gln Leu Asn Gln Ala Arg Thr Ile Leu Glu Asn Arg
 70 75 80 85

gtg aac ggc atg ggc gtt tca ggt gca agc gtg gtc gct gac ggt aac 403
 Val Asn Gly Met Gly Val Ser Gly Ala Ser Val Val Ala Asp Gly Asn
 90 95 100

acg ctg gtg atc act gtt ccc ggg gaa aat acc gca cag gcg caa tcc 451
 Thr Leu Val Ile Thr Val Pro Gly Glu Asn Thr Ala Gln Ala Gln Ser
 105 110 115

cta gga cag acc tcc cag ctg ctg ttc cgt ccc gtt ggt cag gca gga 499
 Leu Gly Gln Thr Ser Gln Leu Leu Phe Arg Pro Val Gly Gln Ala Gly
 120 125 130

atg ccc gat atg acc acg ttg atg cca gag ctg gaa gag atg gcc aac 547

Met	Pro	Asp	Met	Thr	Thr	Leu	Met	Pro	Glu	Leu	Glu	Glu	Met	Ala	Asn	
135						140					145					
agg	tgg	gtt	gaa	tac	ggc	gtc	atc	acc	gaa	gag	cag	gca	aat	gcc	tcc	595
Arg	Trp	Val	Glu	Tyr	Gly	Val	Ile	Thr	Glu	Glu	Gln	Ala	Asn	Ala	Ser	
150					155					160				165		
ttg	gag	gaa	atg	aac	acc	gct	gtt	gca	tcg	acc	act	gcg	gtg	gaa	ggc	643
Leu	Glu	Glu	Met	Asn	Thr	Ala	Val	Ala	Ser	Thr	Thr	Ala	Val	Glu	Gly	
				170					175					180		
gaa	gaa	gca	act	gag	cca	gaa	ccc	gtc	acc	gtg	tcg	gcg	acc	cct	atg	691
Glu	Glu	Ala	Thr	Glu	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	Ser	Ala	Thr	Pro	Met	
			185					190					195			
gat	gag	cca	gcc	aac	tcc	att	gag	gca	aca	cag	cga	cgc	cag	gaa	atc	739
Asp	Glu	Pro	Ala	Asn	Ser	Ile	Glu	Ala	Thr	Gln	Arg	Arg	Gln	Glu	Ile	
		200					205					210				
acg	gac	atg	ctg	cgc	acc	gac	cgc	cag	tcc	acc	gat	ccc	act	gtc	cag	787
Thr	Asp	Met	Leu	Arg	Thr	Asp	Arg	Gln	Ser	Thr	Asp	Pro	Thr	Val	Gln	
	215					220					225					
atc	gct	gca	agt	tct	ttg	atg	cag	tgc	acc	act	gat	gag	atg	gat	cct	835
Ile	Ala	Ala	Ser	Ser	Leu	Met	Gln	Cys	Thr	Thr	Asp	Glu	Met	Asp	Pro	
230					235					240					245	
ttg	gcc	ggc	acc	gat	gat	cca	cgc	ctg	cca	ttg	gtg	gca	tgt	gat	cca	883
Leu	Ala	Gly	Thr	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Pro	Leu	Val	Ala	Cys	Asp	Pro	
			250					255					260			
gct	gta	ggc	ggc	gtg	tat	gta	ctt	gat	cct	gca	cct	ttg	ctc	aac	ggc	931
Ala	Val	Gly	Gly	Val	Tyr	Val	Leu	Asp	Pro	Ala	Pro	Leu	Leu	Asn	Gly	
		265					270						275			
gaa	acc	gat	gag	gaa	aat	ggc	gca	cgc	cta	acc	ggc	aat	gag	atc	gat	979
Glu	Thr	Asp	Glu	Glu	Asn	Gly	Ala	Arg	Leu	Thr	Gly	Asn	Glu	Ile	Asp	
		280				285					290					
acc	aac	cgt	ccc	atc	acc	ggc	gga	ttc	aac	gcc	cag	tcc	ggc	cag	atg	1027
Thr	Asn	Arg	Pro	Ile	Thr	Gly	Gly	Phe	Asn	Ala	Gln	Ser	Gly	Gln	Met	
	295					300					305					
gaa	atc	agc	ttt	gcc	ttc	aaa	tcc	ggc	gat	ggg	gaa	gaa	ggc	tct	gca	1075
Glu	Ile	Ser	Phe	Ala	Phe	Lys	Ser	Gly	Asp	Gly	Glu	Glu	Gly	Ser	Ala	
310				315				320						325		
act	tgg	tcc	tct	ctg	acc	agc	cag	tac	ctg	cag	cag	cag	atc	gcc	atc	1123
Thr	Trp	Ser	Ser	Leu	Thr	Ser	Gln	Tyr	Leu	Gln	Gln	Gln	Ile	Ala	Ile	
			330					335						340		
acc	ctg	gac	tct	cag	gtg	att	tct	gca	ccc	gtg	att	cag	tca	gca	acc	1171
Thr	Leu	Asp	Ser	Gln	Val	Ile	Ser	Ala	Pro	Val	Ile	Gln	Ser	Ala	Thr	
		345						350					355			
cct	gtg	ggc	tct	gca	aca	tcc	atc	acc	ggc	gac	ttc	act	caa	act	gaa	1219
Pro	Val	Gly	Ser	Ala	Thr	Ser	Ile	Thr	Gly	Asp	Phe	Thr	Gln	Thr	Glu	
		360					365					370				
gcc	caa	gat	ctg	gcg	aac	aac	ctg	cgc	tac	ggc	gca	ttg	ccc	ctg	agc	1267
Ala	Gln	Asp	Leu	Ala	Asn	Asn	Leu	Arg	Tyr	Gly	Ala	Leu	Pro	Leu	Ser	
	375					380					385					
ttc	gca	ggc	gaa	aac	ggc	gag	cgc	ggc	gga	act	acc	acc	acc	gtt	cgc	1315

[illegible]

```
<210> 42
<211> 642
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
```

<400>	42															
Leu	Lys	Glu	Thr	Phe	Leu	Ala	Arg	Gln	Lys	Lys	Ser	Ala	Ala	Ser	Ala	
1				5					10					15		
Trp	Glu	Arg	Trp	Pro	Lys	Arg	Ala	Ile	Ala	Leu	Phe	Val	Leu	Ile	Val	
			20					25					30			
Val	Gly	Val	Tyr	Ala	Leu	Val	Leu	Leu	Thr	Gly	Asp	Arg	Ser	Ala	Thr	
			35				40					45				
Pro	Lys	Leu	Gly	Ile	Asp	Leu	Gln	Gly	Gly	Thr	Arg	Val	Thr	Leu	Val	
	50					55					60					
Pro	Gln	Gly	Gln	Asp	Pro	Thr	Gln	Asp	Gln	Leu	Asn	Gln	Ala	Arg	Thr	
65					70					75					80	
Ile	Leu	Glu	Asn	Arg	Val	Asn	Gly	Met	Gly	Val	Ser	Gly	Ala	Ser	Val	
				85					90					95		
Val	Ala	Asp	Gly	Asn	Thr	Leu	Val	Ile	Thr	Val	Pro	Gly	Glu	Asn	Thr	
			100					105					110			
Ala	Gln	Ala	Gln	Ser	Leu	Gly	Gln	Thr	Ser	Gln	Leu	Leu	Phe	Arg	Pro	
			115				120					125				
Val	Gly	Gln	Ala	Gly	Met	Pro	Asp	Met	Thr	Thr	Leu	Met	Pro	Glu	Leu	
	130					135					140					
Glu	Glu	Met	Ala	Asn	Arg	Trp	Val	Glu	Tyr	Gly	Val	Ile	Thr	Glu	Glu	
145					150					155					160	
Gln	Ala	Asn	Ala	Ser	Leu	Glu	Glu	Met	Asn	Thr	Ala	Val	Ala	Ser	Thr	
				165					170					175		
Thr	Ala	Val	Glu	Gly	Glu	Glu	Ala	Thr	Glu	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Val	
			180					185					190			
Ser	Ala	Thr	Pro	Met	Asp	Glu	Pro	Ala	Asn	Ser	Ile	Glu	Ala	Thr	Gln	
		195					200					205				
Arg	Arg	Gln	Glu	Ile	Thr	Asp	Met	Leu	Arg	Thr	Asp	Arg	Gln	Ser	Thr	
	210					215					220					
Asp	Pro	Thr	Val	Gln	Ile	Ala	Ala	Ser	Ser	Leu	Met	Gln	Cys	Thr	Thr	
225					230					235					240	
Asp	Glu	Met	Asp	Pro	Leu	Ala	Gly	Thr	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Pro	Leu	
				245					250					255		
Val	Ala	Cys	Asp	Pro	Ala	Val	Gly	Gly	Val	Tyr	Val	Leu	Asp	Pro	Ala	
			260					265					270			
Pro	Leu	Leu	Asn	Gly	Glu	Thr	Asp	Glu	Glu	Asn	Gly	Ala	Arg	Leu	Thr	
		275					280					285				
Gly	Asn	Glu	Ile	Asp	Thr	Asn	Arg	Pro	Ile	Thr	Gly	Gly	Phe	Asn	Ala	
	290					295					300					
Gln	Ser	Gly	Gln	Met	Glu	Ile	Ser	Phe	Ala	Phe	Lys	Ser	Gly	Asp	Gly	

305 310 315 320
 Glu Glu Gly Ser Ala Thr Trp Ser Ser Leu Thr Ser Gln Tyr Leu Gln
 325 330 335
 Gln Gln Ile Ala Ile Thr Leu Asp Ser Gln Val Ile Ser Ala Pro Val
 340 345 350
 Ile Gln Ser Ala Thr Pro Val Gly Ser Ala Thr Ser Ile Thr Gly Asp
 355 360 365
 Phe Thr Gln Thr Glu Ala Gln Asp Leu Ala Asn Asn Leu Arg Tyr Gly
 370 375 380
 Ala Leu Pro Leu Ser Phe Ala Gly Glu Asn Gly Glu Arg Gly Gly Thr
 385 390 395 400
 Thr Thr Thr Val Pro Pro Ser Leu Gly Ala Ala Ser Leu Lys Ala Gly
 405 410 415
 Leu Ile Ala Gly Ile Val Gly Ile Ala Leu Val Ala Ile Phe Val Phe
 420 425 430
 Ala Tyr Tyr Arg Val Phe Gly Phe Val Ser Leu Phe Thr Leu Phe Ala
 435 440 445
 Ala Gly Val Leu Val Tyr Gly Leu Leu Val Leu Leu Gly Arg Trp Ile
 450 455 460
 Gly Tyr Ser Leu Asp Leu Ala Gly Ile Ala Gly Leu Ile Ile Gly Ile
 465 470 475 480
 Gly Thr Thr Ala Asp Ser Phe Val Val Phe Tyr Glu Arg Ile Lys Asp
 485 490 495
 Glu Ile Arg Glu Gly Arg Ser Phe Arg Ser Ala Val Pro Arg Ala Trp
 500 505 510
 Glu Ser Ala Lys Arg Thr Ile Val Thr Gly Asn Met Val Thr Leu Leu
 515 520 525
 Gly Ala Ile Val Ile Tyr Leu Leu Ala Val Gly Glu Val Lys Gly Phe
 530 535 540
 Ala Phe Thr Leu Gly Leu Thr Thr Val Phe Asp Leu Val Val Thr Phe
 545 550 555 560
 Leu Ile Thr Ala Pro Leu Val Ile Leu Ala Ser Arg Asn Pro Phe Phe
 565 570 575
 Ala Lys Ser Ser Val Asn Gly Met Gly Arg Val Met Lys Leu Val Glu
 580 585 590
 Glu Arg Arg Ala Asn Gly Glu Leu Asp Glu Pro Glu Tyr Leu Lys Lys
 595 600 605
 Ile His Ala Lys Asn Ala Ala Ala Asp Lys Ala Ser Thr Asp Asn Ser
 610 615 620
 Ser Thr Asp Asn Ser Glu Ala Pro Gly Thr Asp Thr Asn Gln Glu Glu
 625 630 635 640
 Glu Lys

<211> 1909
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1879)
 <223> RXA01596

<400> 43

```

tcccagggtca gcggggtaat tcgaaaacca ttcgaacaat tttcgaggat ttagaaaaaa 60
cgttcgcata aattgttaga actgatgtac actttgaggc atg ctc gta gac att 115
                                     Met Leu Val Asp Ile
                                     1 5

gct att gag aac ctc gga gtt att cca gcg gcc tca gct gag ttc agc 163
Ala Ile Glu Asn Leu Gly Val Ile Pro Ala Ala Ser Ala Glu Phe Ser
          10          15          20

tca ggt tta aca gtg ctc acc ggt gag acc ggc gcc gga aag acc atg 211
Ser Gly Leu Thr Val Leu Thr Gly Glu Thr Gly Ala Gly Lys Thr Met
          25          30          35

gta gtg aca ggt tta cgc ctg tta tcc ggc ggt cgc gcc gac gct tca 259
Val Val Thr Gly Leu Arg Leu Leu Ser Gly Gly Arg Ala Asp Ala Ser
          40          45          50

cgc gtg cgc aca gga tcc cct caa gct gtt gtg gag ggg cgc ttt gtt 307
Arg Val Arg Thr Gly Ser Pro Gln Ala Val Val Glu Gly Arg Phe Val
          55          60          65

acg caa ggc gtg ccc tgc gac att gtc gaa cgt gca acc gga atc gtt 355
Thr Gln Gly Val Pro Cys Asp Ile Val Glu Arg Ala Thr Gly Ile Val
          70          75          80          85

tcg aac gcc gga ggt gcc gca gat gaa aat gga gag ttt tta gct gtc 403
Ser Asn Ala Gly Gly Ala Ala Asp Glu Asn Gly Glu Phe Leu Ala Val
          90          95          100

cgt tcc gtc ggc gcc aac ggc cgt tca aaa gct cat ctc ggt ggt cgc 451
Arg Ser Val Gly Ala Asn Gly Arg Ser Lys Ala His Leu Gly Gly Arg
          105          110          115

tcc gta cct gcg gca acg ctg tcc gag ttc tct gat gag ctg ttg acc 499
Ser Val Pro Ala Ala Thr Leu Ser Glu Phe Ser Asp Glu Leu Leu Thr
          120          125          130

atc cac ggt caa aat gac caa ctc cgg ttg ctc tcc cca gaa cgc caa 547
Ile His Gly Gln Asn Asp Gln Leu Arg Leu Leu Ser Pro Glu Arg Gln
          135          140          145

cta gag gcg ctt gat cgt ttt gat cca gag ctg gcc caa ctg cgc aaa 595
Leu Glu Ala Leu Asp Arg Phe Asp Pro Glu Leu Ala Gln Leu Arg Lys
          150          155          160          165

aac tac aac gcc aag tac ctc act tgg aag tcc ttg gat aaa gat ctg 643
Asn Tyr Asn Ala Lys Tyr Leu Thr Trp Lys Ser Leu Asp Lys Asp Leu
          170          175          180

cag aag cgc ctg agt agt agg cga gag ctg gct caa gaa gtc gat cgc 691
Gln Lys Arg Leu Ser Ser Arg Arg Glu Leu Ala Gln Glu Val Asp Arg
          185          190          195

```

ctg	caa	ttc	gcg	att	aat	gag	atc	gag	gaa	gtc	tcg	cca	cag	cca	ggc	739
Leu	Gln	Phe	Ala	Ile	Asn	Glu	Ile	Glu	Glu	Val	Ser	Pro	Gln	Pro	Gly	
		200					205						210			
gaa	gac	gcc	gaa	ctg	gtt	gag	cag	atc	cgc	agg	ctc	cag	gac	gtg	gac	787
Glu	Asp	Ala	Glu	Leu	Val	Glu	Gln	Ile	Arg	Arg	Leu	Gln	Asp	Val	Asp	
	215					220					225					
acc	ctg	cgg	gag	caa	gct	gca	acc	gca	ttg	gct	gcg	att	gat	ggg	gcc	835
Thr	Leu	Arg	Glu	Gln	Ala	Ala	Thr	Ala	Leu	Ala	Ala	Ile	Asp	Gly	Ala	
	230				235					240					245	
ggc	tct	ctc	agc	gac	gcc	atg	ggg	ggg	tcc	ggc	ggc	ttt	gat	gaa	tcc	883
Gly	Ser	Leu	Ser	Asp	Ala	Met	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Phe	Asp	Glu	Ser	
			250						255					260		
cag	gag	tca	gcc	tct	gac	cag	ctc	ggc	cag	gcg	gag	tcc	gcg	ctg	gca	931
Gln	Glu	Ser	Ala	Ser	Asp	Gln	Leu	Gly	Gln	Ala	Glu	Ser	Ala	Leu	Ala	
		265						270					275			
ggc	agt	gat	gac	tca	aag	ctg	aaa	gat	att	gcc	gtt	cag	ctt	gcg	gaa	979
Gly	Ser	Asp	Asp	Ser	Lys	Leu	Lys	Asp	Ile	Ala	Val	Gln	Leu	Ala	Glu	
		280					285					290				
atc	acc	agc	cag	ctc	agc	caa	gtg	tcc	atg	gaa	ttg	ggc	ggg	ttc	ctc	1027
Ile	Thr	Ser	Gln	Leu	Ser	Gln	Val	Ser	Met	Glu	Leu	Gly	Gly	Phe	Leu	
	295					300					305					
tct	gat	ctc	ccc	gca	gac	ccc	caa	gca	ctc	gat	gac	atg	ctc	acc	cgc	1075
Ser	Asp	Leu	Pro	Ala	Asp	Pro	Gln	Ala	Leu	Asp	Asp	Met	Leu	Thr	Arg	
	310				315					320					325	
caa	cag	caa	ttg	aaa	ctg	ctc	acg	cgt	aaa	tac	gct	gca	gat	att	gac	1123
Gln	Gln	Gln	Leu	Lys	Leu	Leu	Thr	Arg	Lys	Tyr	Ala	Ala	Asp	Ile	Asp	
			330						335					340		
ggc	gtg	att	gag	tgg	cag	cgg	aaa	gcc	caa	atc	cgc	cta	gac	agc	att	1171
Gly	Val	Ile	Glu	Trp	Gln	Arg	Lys	Ala	Gln	Ile	Arg	Leu	Asp	Ser	Ile	
		345						350					355			
gac	att	tcc	tcc	gaa	gcg	ctt	gac	aag	ctg	aaa	gaa	gac	gcg	aaa	aag	1219
Asp	Ile	Ser	Ser	Glu	Ala	Leu	Asp	Lys	Leu	Lys	Glu	Asp	Ala	Lys	Lys	
		360					365					370				
gcg	cag	gcc	tcc	atg	atg	cgt	gcc	gct	aag	aag	ctt	tca	gct	gtc	cgt	1267
Ala	Gln	Ala	Ser	Met	Met	Arg	Ala	Ala	Lys	Lys	Leu	Ser	Ala	Val	Arg	
	375					380					385					
gca	aag	gca	gca	acc	aag	ttg	ggg	aca	act	gtc	acc	gag	gag	ctt	cag	1315
Ala	Lys	Ala	Ala	Thr	Lys	Leu	Gly	Thr	Thr	Val	Thr	Glu	Glu	Leu	Gln	
	390				395					400					405	
ggc	ctg	gcc	atg	caa	aaa	gcc	cgc	ttt	gag	gtt	gct	ttg	acc	tcc	att	1363
Gly	Leu	Ala	Met	Gln	Lys	Ala	Arg	Phe	Glu	Val	Ala	Leu	Thr	Ser	Ile	
			410						415					420		
gag	gcg	tgc	gcc	agc	ggg	atc	gac	cag	gtg	gaa	ttc	cag	ctc	gca	gca	1411
Glu	Ala	Cys	Ala	Ser	Gly	Ile	Asp	Gln	Val	Glu	Phe	Gln	Leu	Ala	Ala	
		425					430					435				
aat	gcc	ttt	gca	cag	cct	cgt	cca	ctt	gca	tcc	tct	gcg	tct	ggg	ggg	1459
Asn	Ala	Phe	Ala	Gln	Pro	Arg	Pro	Leu	Ala	Ser	Ser	Ala	Ser	Gly	Gly	
		440					445					450				

gaa ctt tcc cgc gtt atg ttg gcg ctc gag gtg atc ttg gct gct gga 1507
 Glu Leu Ser Arg Val Met Leu Ala Leu Glu Val Ile Leu Ala Ala Gly
 455 460 465

acc acg ggc acc acc ttg gtg ttc gac gag gtt gat gca ggt gtg ggc 1555
 Thr Thr Gly Thr Thr Leu Val Phe Asp Glu Val Asp Ala Gly Val Gly
 470 475 480 485

gga cgc gca gcg gtg gaa atc ggt cgc cgc ctg gcc cgc ctt gcc acc 1603
 Gly Arg Ala Ala Val Glu Ile Gly Arg Arg Leu Ala Arg Leu Ala Thr
 490 495 500

aaa aac caa gtc atc gtg gtc acc cat ctc cca cag gtc gct gct tac 1651
 Lys Asn Gln Val Ile Val Val Thr His Leu Pro Gln Val Ala Ala Tyr
 505 510 515

gcc gac acg cac ctg cac gtt gcc aag aat gta gga gaa gcc tcc gtg 1699
 Ala Asp Thr His Leu His Val Ala Lys Asn Val Gly Glu Ala Ser Val
 520 525 530

acc tca gga gtg gag tca ctg acc ttc gac cga cgc gtg gaa gag ctc 1747
 Thr Ser Gly Val Glu Ser Leu Thr Phe Asp Arg Arg Val Glu Glu Leu
 535 540 545

tcc cgc atg ctc gct ggc ctc gac gac acc gcc acc ggc cga gcc cac 1795
 Ser Arg Met Leu Ala Gly Leu Asp Asp Thr Ala Thr Gly Arg Ala His
 550 555 560 565

gca acg gag ctg ctc gag cgt gca cag cgt gaa aag gaa gat att aac 1843
 Ala Thr Glu Leu Leu Glu Arg Ala Gln Arg Glu Lys Glu Asp Ile Asn
 570 575 580

gag gag cga gta gaa cca ctt ctc gcc gcc agt gca taagagtttt 1889
 Glu Glu Arg Val Glu Pro Leu Leu Ala Ala Ser Ala
 585 590

cttggaattt tttaggcgcg 1909

<210> 44

<211> 593

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 44

Met Leu Val Asp Ile Ala Ile Glu Asn Leu Gly Val Ile Pro Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Ala Glu Phe Ser Ser Gly Leu Thr Val Leu Thr Gly Glu Thr Gly
 20 25 30

Ala Gly Lys Thr Met Val Val Thr Gly Leu Arg Leu Leu Ser Gly Gly
 35 40 45

Arg Ala Asp Ala Ser Arg Val Arg Thr Gly Ser Pro Gln Ala Val Val
 50 55 60

Glu Gly Arg Phe Val Thr Gln Gly Val Pro Cys Asp Ile Val Glu Arg
 65 70 75 80

Ala Thr Gly Ile Val Ser Asn Ala Gly Gly Ala Ala Asp Glu Asn Gly
 85 90 95

Glu Phe Leu Ala) Arg Ser Val Gly Ala Asn Gly Arg Ser Lys Ala
 100 105 110
 His Leu Gly Gly Arg Ser Val Pro Ala Ala Thr Leu Ser Glu Phe Ser
 115 120 125
 Asp Glu Leu Leu Thr Ile His Gly Gln Asn Asp Gln Leu Arg Leu Leu
 130 135 140
 Ser Pro Glu Arg Gln Leu Glu Ala Leu Asp Arg Phe Asp Pro Glu Leu
 145 150 155 160
 Ala Gln Leu Arg Lys Asn Tyr Asn Ala Lys Tyr Leu Thr Trp Lys Ser
 165 170 175
 Leu Asp Lys Asp Leu Gln Lys Arg Leu Ser Ser Arg Arg Glu Leu Ala
 180 185 190
 Gln Glu Val Asp Arg Leu Gln Phe Ala Ile Asn Glu Ile Glu Glu Val
 195 200 205
 Ser Pro Gln Pro Gly Glu Asp Ala Glu Leu Val Glu Gln Ile Arg Arg
 210 215 220
 Leu Gln Asp Val Asp Thr Leu Arg Glu Gln Ala Ala Thr Ala Leu Ala
 225 230 235 240
 Ala Ile Asp Gly Ala Gly Ser Leu Ser Asp Ala Met Gly Gly Ser Gly
 245 250 255
 Gly Phe Asp Glu Ser Gln Glu Ser Ala Ser Asp Gln Leu Gly Gln Ala
 260 265 270
 Glu Ser Ala Leu Ala Gly Ser Asp Asp Ser Lys Leu Lys Asp Ile Ala
 275 280 285
 Val Gln Leu Ala Glu Ile Thr Ser Gln Leu Ser Gln Val Ser Met Glu
 290 295 300
 Leu Gly Gly Phe Leu Ser Asp Leu Pro Ala Asp Pro Gln Ala Leu Asp
 305 310 315 320
 Asp Met Leu Thr Arg Gln Gln Gln Leu Lys Leu Leu Thr Arg Lys Tyr
 325 330 335
 Ala Ala Asp Ile Asp Gly Val Ile Glu Trp Gln Arg Lys Ala Gln Ile
 340 345 350
 Arg Leu Asp Ser Ile Asp Ile Ser Ser Glu Ala Leu Asp Lys Leu Lys
 355 360 365
 Glu Asp Ala Lys Lys Ala Gln Ala Ser Met Met Arg Ala Ala Lys Lys
 370 375 380
 Leu Ser Ala Val Arg Ala Lys Ala Ala Thr Lys Leu Gly Thr Thr Val
 385 390 395 400
 Thr Glu Glu Leu Gln Gly Leu Ala Met Gln Lys Ala Arg Phe Glu Val
 405 410 415
 Ala Leu Thr Ser Ile Glu Ala Cys Ala Ser Gly Ile Asp Gln Val Glu
 420 425 430
 Phe Gln Leu Ala Ala Asn Ala Phe Ala Gln Pro Arg Pro Leu Ala Ser

<211> 45
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 46
 Met Pro Thr Lys Thr Tyr Ser Glu Glu Phe Lys Arg Asp Ala Val Ala
 1 5 10 15
 Leu Tyr Glu Asn Ser Asp Gly Ala Ser Leu Gln Gln Ile Ala Asn Asp
 20 25 30
 Leu Gly Ile Asn Arg Val Thr Leu Lys Asn Phe Asp Gln
 35 40 45

<210> 47
 <211> 538
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(508)
 <223> RXA01710

<400> 47
 tctcggcgct aatctggttt attggtgata tccgagccaa gggaaactccg agctcaccca 60
 ttaccactga tccaacgcac gaccatcttg agaggacagc atg aca gac ttc aaa 115
 Met Thr Asp Phe Lys
 1 5
 ctc atc agc gat acc gag tgg cgc gaa cgc ctc acc ccg cag gaa ttc 163
 Leu Ile Ser Asp Thr Glu Trp Arg Glu Arg Leu Thr Pro Gln Glu Phe
 10 15 20
 cat gtc ctc cgc gaa gcc ggc acc gaa cca cct cac gtc ggt gaa tac 211
 His Val Leu Arg Glu Ala Gly Thr Glu Pro Pro His Val Gly Glu Tyr
 25 30 35
 acc aac acc acc acc gaa ggt gtg tac tcc tgt cgc gcc tgt ggt gaa 259
 Thr Asn Thr Thr Thr Glu Gly Val Tyr Ser Cys Arg Ala Cys Gly Glu
 40 45 50
 gag tta ttc cgc tcc acc gag aag ttt gaa tcc cac tgc ggt tgg cct 307
 Glu Leu Phe Arg Ser Thr Glu Lys Phe Glu Ser His Cys Gly Trp Pro
 55 60 65
 tcc ttc ttc tcc cca ctt gct ggc gac aaa atc att gag aag gaa gat 355
 Ser Phe Phe Ser Pro Leu Ala Gly Asp Lys Ile Ile Glu Lys Glu Asp
 70 75 80 85
 ctt tcc ctc ggt atg cgt cgc gtt gag att ctg tgc gct aac tgc ggc 403
 Leu Ser Leu Gly Met Arg Arg Val Glu Ile Leu Cys Ala Asn Cys Gly
 90 95 100
 tct cac atg ggt cac gtc ttc gaa ggc gaa ggc tac gac acc ccc acc 451
 Ser His Met Gly His Val Phe Glu Gly Glu Gly Tyr Asp Thr Pro Thr
 105 110 115
 gat ctt cgt tac tgc att aac tcc atc agc ttg aag ctg gaa gaa aag 499
 Asp Leu Arg Tyr Cys Ile Asn Ser Ile Ser Leu Lys Leu Glu Glu Lys

120 125 130
 cca gtt tcc taagcttccg agcacgaaac gagccttggc 538
 Pro Val Ser
 135

<210> 48
 <211> 136
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 48
 Met Thr Asp Phe Lys Leu Ile Ser Asp Thr Glu Trp Arg Glu Arg Leu
 1 5 10 15
 Thr Pro Gln Glu Phe His Val Leu Arg Glu Ala Gly Thr Glu Pro Pro
 20 25 30
 His Val Gly Glu Tyr Thr Asn Thr Thr Thr Glu Gly Val Tyr Ser Cys
 35 40 45
 Arg Ala Cys Gly Glu Glu Leu Phe Arg Ser Thr Glu Lys Phe Glu Ser
 50 55 60
 His Cys Gly Trp Pro Ser Phe Phe Ser Pro Leu Ala Gly Asp Lys Ile
 65 70 75 80
 Ile Glu Lys Glu Asp Leu Ser Leu Gly Met Arg Arg Val Glu Ile Leu
 85 90 95
 Cys Ala Asn Cys Gly Ser His Met Gly His Val Phe Glu Gly Glu Gly
 100 105 110
 Tyr Asp Thr Pro Thr Asp Leu Arg Tyr Cys Ile Asn Ser Ile Ser Leu
 115 120 125
 Lys Leu Glu Glu Lys Pro Val Ser
 130 135

<210> 49
 <211> 1417
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1387)
 <223> RXA01852

<400> 49
 aaccaccacc atgcgtgcag aacgcactgg taaccctttc ttgctggcac tgtagggcta 60
 agttccgtac tactttcttcg aataggtatc gttaataatc gtg agt caa aac aag 115
 Val Ser Gln Asn Lys
 1 5
 tcc aag tct gaa aag ctt cag tca ttt gct gca ccc aag ggt gtt cct 163
 Ser Lys Ser Glu Lys Leu Gln Ser Phe Ala Ala Pro Lys Gly Val Pro
 10 15 20
 gat tac gcc cca cca aaa tct gca gcg ttt tta gca gtc cgt gat gcc 211

Asp	Tyr	Ala	Pro	Pro	Lys	Ser	Ala	Ala	Phe	Leu	Ala	Val	Arg	Asp	Ala	
			25					30					35			
ttt	gtt	aat	caa	gca	cat	aag	gcc	ggg	ttt	gag	cat	att	gag	ctg	ccg	259
Phe	Val	Asn	Gln	Ala	His	Lys	Ala	Gly	Phe	Glu	His	Ile	Glu	Leu	Pro	
		40					45					50				
atc	ttt	gaa	gac	acc	ggc	ttg	ttt	gcg	cgt	ggg	gtt	ggg	gag	tcc	act	307
Ile	Phe	Glu	Asp	Thr	Gly	Leu	Phe	Ala	Arg	Gly	Val	Gly	Glu	Ser	Thr	
	55					60					65					
gac	gta	gtg	agc	aag	gaa	atg	tac	acc	ttc	gct	gat	cgt	ggc	gag	cgc	355
Asp	Val	Val	Ser	Lys	Glu	Met	Tyr	Thr	Phe	Ala	Asp	Arg	Gly	Glu	Arg	
70					75				80						85	
tct	gtc	acg	ctg	cgc	cca	gaa	ggc	act	gca	ggc	gtg	atg	cgt	gca	gtt	403
Ser	Val	Thr	Leu	Arg	Pro	Glu	Gly	Thr	Ala	Gly	Val	Met	Arg	Ala	Val	
				90					95					100		
att	gaa	cac	agc	ctg	gac	cgt	gga	cag	ctt	ccc	gta	aag	ctg	aac	tac	451
Ile	Glu	His	Ser	Leu	Asp	Arg	Gly	Gln	Leu	Pro	Val	Lys	Leu	Asn	Tyr	
			105					110					115			
gcc	gga	cca	ttc	ttc	cgt	tat	gag	cgt	cct	cag	gca	ggg	cgt	tac	cgt	499
Ala	Gly	Pro	Phe	Phe	Arg	Tyr	Glu	Arg	Pro	Gln	Ala	Gly	Arg	Tyr	Arg	
		120					125					130				
cag	ctt	cag	caa	gta	ggc	gta	gag	gca	att	ggg	gtg	gat	gat	cca	gcg	547
Gln	Leu	Gln	Gln	Val	Gly	Val	Glu	Ala	Ile	Gly	Val	Asp	Asp	Pro	Ala	
	135					140					145					
ctt	gat	gcg	gag	atc	att	gcg	ctt	gct	gat	cgt	tct	tac	cgc	agc	ttg	595
Leu	Asp	Ala	Glu	Ile	Ile	Ala	Leu	Ala	Asp	Arg	Ser	Tyr	Arg	Ser	Leu	
150					155					160					165	
ggg	ctg	cag	gat	ttc	cgt	ctg	gag	ctc	acc	agc	ttg	ggg	gat	cgt	cac	643
Gly	Leu	Gln	Asp	Phe	Arg	Leu	Glu	Leu	Thr	Ser	Leu	Gly	Asp	Arg	His	
				170					175					180		
tgc	cgt	ccc	gag	tat	cgt	cag	aag	ctg	cag	gat	ttc	ttg	ttt	gca	ctt	691
Cys	Arg	Pro	Glu	Tyr	Arg	Gln	Lys	Leu	Gln	Asp	Phe	Leu	Phe	Ala	Leu	
			185					190					195			
cct	ttg	gat	gag	gaa	acc	cgc	aag	cgc	gca	gag	atc	aac	cca	ctt	cgg	739
Pro	Leu	Asp	Glu	Glu	Thr	Arg	Lys	Arg	Ala	Glu	Ile	Asn	Pro	Leu	Arg	
		200					205					210				
gtg	ttg	gat	gat	aag	cgt	cct	gaa	gtc	caa	gag	atg	act	gcg	gat	gca	787
Val	Leu	Asp	Asp	Lys	Arg	Pro	Glu	Val	Gln	Glu	Met	Thr	Ala	Asp	Ala	
	215					220					225					
cca	ttg	atg	ctg	gat	cac	ctt	gat	gca	gag	tgc	cgt	gag	cac	ttt	gaa	835
Pro	Leu	Met	Leu	Asp	His	Leu	Asp	Ala	Glu	Cys	Arg	Glu	His	Phe	Glu	
230					235					240					245	
aca	gtg	act	ggg	ttg	ctc	gat	gac	atg	ggg	gtt	cca	tat	gtg	att	aac	883
Thr	Val	Thr	Gly	Leu	Leu	Asp	Asp	Met	Gly	Val	Pro	Tyr	Val	Ile	Asn	
				250					255					260		
cca	cgc	atg	gtt	cgt	ggg	ttg	gat	tac	tac	acc	aag	act	tgt	ttt	gag	931
Pro	Arg	Met	Val	Arg	Gly	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Thr	Lys	Thr	Cys	Phe	Glu	
			265					270					275			
ttc	gtt	cac	gat	ggc	ctg	ggc	gca	cag	tct	ggc	att	ggg	ggc	ggc	gga	979

Phe Val His Asp Gly Leu Gly Ala Gln Ser Gly Ile Gly Gly Gly Gly
 280 285 290
 cgc tac gac ggt ctg atg gca cag ctt ggc gga cag gat ctg tct ggc 1027
 Arg Tyr Asp Gly Leu Met Ala Gln Leu Gly Gly Gln Asp Leu Ser Gly
 295 300 305
 atc ggc tat ggc ctg ggt gtg gat cgc acc atg ttg gct ctg gaa gct 1075
 Ile Gly Tyr Gly Leu Gly Val Asp Arg Thr Met Leu Ala Leu Glu Ala
 310 315 320 325
 gaa ggt gtg act gtt ggt gct gag cgt cgc gtt gat gtg tac ggc gtt 1123
 Glu Gly Val Thr Val Gly Ala Glu Arg Arg Val Asp Val Tyr Gly Val
 330 335 340
 cca ctg ggc aag gat gct aag aag gct ctt gct gga atc gtg aac acg 1171
 Pro Leu Gly Lys Asp Ala Lys Lys Ala Leu Ala Gly Ile Val Asn Thr
 345 350 355
 ctg cgc gct gcg ggt att tcc acc gat atg tct tac ggc gac cgt ggc 1219
 Leu Arg Ala Ala Gly Ile Ser Thr Asp Met Ser Tyr Gly Asp Arg Gly
 360 365 370
 ctg aag ggt gcc atg aag ggc gct gac cgc tcc aac gcg ttg tac acc 1267
 Leu Lys Gly Ala Met Lys Gly Ala Asp Arg Ser Asn Ala Leu Tyr Thr
 375 380 385
 ttg gtg ctg ggc gag cag gag ctg gag aac aac acc atc gcg gtg aag 1315
 Leu Val Leu Gly Glu Gln Glu Leu Glu Asn Asn Thr Ile Ala Val Lys
 390 395 400 405
 gat atg cgt gcg cat gag cag cac gat gtc gca ttg gac gag gtt gtg 1363
 Asp Met Arg Ala His Glu Gln His Asp Val Ala Leu Asp Glu Val Val
 410 415 420
 gcc ttt ttg cag ggg aaa ctt att taaataattc ataagtaaaa aaccgtcaat 1417
 Ala Phe Leu Gly Lys Leu Ile
 425

<210> 50

<211> 429

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 50

Val Ser Gln Asn Lys Ser Lys Ser Glu Lys Leu Gln Ser Phe Ala Ala
 1 5 10 15
 Pro Lys Gly Val Pro Asp Tyr Ala Pro Pro Lys Ser Ala Ala Phe Leu
 20 25 30
 Ala Val Arg Asp Ala Phe Val Asn Gln Ala His Lys Ala Gly Phe Glu
 35 40 45
 His Ile Glu Leu Pro Ile Phe Glu Asp Thr Gly Leu Phe Ala Arg Gly
 50 55 60
 Val Gly Glu Ser Thr Asp Val Val Ser Lys Glu Met Tyr Thr Phe Ala
 65 70 75 80
 Asp Arg Gly Glu Arg Ser Val Thr Leu Arg Pro Glu Gly Thr Ala Gly

				85				90				95			
Val	Met	Arg	Ala	Val	Ile	Glu	His	Ser	Leu	Asp	Arg	Gly	Gln	Leu	Pro
			100					105					110		
Val	Lys	Leu	Asn	Tyr	Ala	Gly	Pro	Phe	Phe	Arg	Tyr	Glu	Arg	Pro	Gln
			115				120					125			
Ala	Gly	Arg	Tyr	Arg	Gln	Leu	Gln	Gln	Val	Gly	Val	Glu	Ala	Ile	Gly
			130				135					140			
Val	Asp	Asp	Pro	Ala	Leu	Asp	Ala	Glu	Ile	Ile	Ala	Leu	Ala	Asp	Arg
							150					155			160
Ser	Tyr	Arg	Ser	Leu	Gly	Leu	Gln	Asp	Phe	Arg	Leu	Glu	Leu	Thr	Ser
							165				170				175
Leu	Gly	Asp	Arg	His	Cys	Arg	Pro	Glu	Tyr	Arg	Gln	Lys	Leu	Gln	Asp
							180				185				190
Phe	Leu	Phe	Ala	Leu	Pro	Leu	Asp	Glu	Glu	Thr	Arg	Lys	Arg	Ala	Glu
							195				200				205
Ile	Asn	Pro	Leu	Arg	Val	Leu	Asp	Asp	Lys	Arg	Pro	Glu	Val	Gln	Glu
							210				215				220
Met	Thr	Ala	Asp	Ala	Pro	Leu	Met	Leu	Asp	His	Leu	Asp	Ala	Glu	Cys
							225				230				235
Arg	Glu	His	Phe	Glu	Thr	Val	Thr	Gly	Leu	Leu	Asp	Asp	Met	Gly	Val
							245				250				255
Pro	Tyr	Val	Ile	Asn	Pro	Arg	Met	Val	Arg	Gly	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Thr
							260				265				270
Lys	Thr	Cys	Phe	Glu	Phe	Val	His	Asp	Gly	Leu	Gly	Ala	Gln	Ser	Gly
							275				280				285
Ile	Gly	Gly	Gly	Gly	Arg	Tyr	Asp	Gly	Leu	Met	Ala	Gln	Leu	Gly	Gly
							290				295				300
Gln	Asp	Leu	Ser	Gly	Ile	Gly	Tyr	Gly	Leu	Gly	Val	Asp	Arg	Thr	Met
							305				310				315
Leu	Ala	Leu	Glu	Ala	Glu	Gly	Val	Thr	Val	Gly	Ala	Glu	Arg	Arg	Val
							325				330				335
Asp	Val	Tyr	Gly	Val	Pro	Leu	Gly	Lys	Asp	Ala	Lys	Lys	Ala	Leu	Ala
							340				345				350
Gly	Ile	Val	Asn	Thr	Leu	Arg	Ala	Ala	Gly	Ile	Ser	Thr	Asp	Met	Ser
							355				360				365
Tyr	Gly	Asp	Arg	Gly	Leu	Lys	Gly	Ala	Met	Lys	Gly	Ala	Asp	Arg	Ser
							370				375				380
Asn	Ala	Leu	Tyr	Thr	Leu	Val	Leu	Gly	Glu	Gln	Glu	Leu	Glu	Asn	Asn
							385				390				395
Thr	Ile	Ala	Val	Lys	Asp	Met	Arg	Ala	His	Glu	Gln	His	Asp	Val	Ala
							405				410				415
Leu	Asp	Glu	Val	Val	Ala	Phe	Leu	Gln	Gly	Lys	Leu	Ile			
							420				425				

```
<210> 51
<211> 955
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
```

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(925)  
<223> RXA01913
```

<400> 51																		
acctgtacga tcacttttta gacggggcggg tagggctact gtgccctaac ctaagcttgt																		60
aaagcattaa ttatccatac ataaggagga tcgccccgta atg gcg aac tac acc																		115
Met Ala Asn Tyr Thr																		5
1																		
gct gcg gat gtt aag aag ctc cgc gaa ctc acc ggt tcc ggc atg ctc																		163
Ala Ala Asp Val Lys Lys Leu Arg Glu Leu Thr Gly Ser Gly Met Leu																		20
10 15																		
gat tgc aag aag gct ctg gag gag tcc gct ggc gac ttc gac aag gct																		211
Asp Cys Lys Lys Ala Leu Glu Glu Ser Ala Gly Asp Phe Asp Lys Ala																		35
25 30																		
gtt gag atc ctg cgc gtc aag ggc gca aag gac gtc gga aag cgt gca																		259
Val Glu Ile Leu Arg Val Lys Gly Ala Lys Asp Val Gly Lys Arg Ala																		50
40 45																		
gag cgt aac gct acc gaa ggt ctc gtt gca gtt tct ggc aac acc atg																		307
Glu Arg Asn Ala Thr Glu Gly Leu Val Ala Val Ser Gly Asn Thr Met																		65
55 60																		
gtc gag gtc aac tct gag acc gac ttc gtt gca aag aac tct gac ttc																		355
Val Glu Val Asn Ser Glu Thr Asp Phe Val Ala Lys Asn Ser Asp Phe																		85
70 75																		
aag gaa ttc gct gca aag gtt gca gac gca gca gca gct gca aag gct																		403
Lys Glu Phe Ala Ala Lys Val Ala Asp Ala Ala Ala Ala Lys Ala																		100
90 95																		
aac tcc cag gaa gag ctc gca gca gtt gac gtg gac gga cag acc gca																		451
Asn Ser Gln Glu Glu Leu Ala Ala Val Asp Val Asp Gly Gln Thr Ala																		115
105 110																		
gac gca gct ctg cag gag ttc tcc gca aag atc ggc gag aag ctt gag																		499
Asp Ala Ala Leu Gln Glu Phe Ser Ala Lys Ile Gly Glu Lys Leu Glu																		130
120 125																		
ctt cgt cgc gca gta acc ctc gag ggc gac aag acc gct gtt tac ctc																		547
Leu Arg Arg Ala Val Thr Leu Glu Gly Asp Lys Thr Ala Val Tyr Leu																		145
135 140																		
cac cag cgt tcc gct gac ctg cca cca gca gtt ggc gtt ttg gtt gct																		595
His Gln Arg Ser Ala Asp Leu Pro Pro Ala Val Gly Val Leu Val Ala																		165
150 155																		
ttc acc ggt gaa ggt gaa gca gct gag gca gct gca cgt cag gct gca																		643
Phe Thr Gly Glu Gly Glu Ala Ala Glu Ala Ala Ala Arg Gln Ala Ala																		180
170 175																		
atg cag attgct gct ctg aag gct tct tac ctc acc cgt gag gac gtt																		691
Met Gln Ile Ala Ala Leu Lys Ala Ser Tyr Leu Thr Arg Glu Asp Val																		

185	190	195	
cct gca gag atc atc gag aag gag cgc tcc atc gct gag cag atc act			739
Pro Ala Glu Ile Ile Glu Lys Glu Arg Ser Ile Ala Glu Gln Ile Thr			
200	205	210	
cgc gaa gag ggc aag cca gag cag gct atc cct aag atc gtt gag ggt			787
Arg Glu Glu Gly Lys Pro Glu Gln Ala Ile Pro Lys Ile Val Glu Gly			
215	220	225	
cgt ttg aat ggc ttc tac aag gag aac gta ctt ctt gag cag tcc tcg			835
Arg Leu Asn Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Val Leu Leu Glu Gln Ser Ser			
230	235	240	245
gta gct gac agc aag aag acc gtt aag gct ctt ctg gac gag gct ggc			883
Val Ala Asp Ser Lys Lys Thr Val Lys Ala Leu Leu Asp Glu Ala Gly			
250	255	260	
gtt acc gtc acc tcc ttc gct cgc ttc gag gtc ggc cag gct			925
Val Thr Val Thr Ser Phe Ala Arg Phe Glu Val Gly Gln Ala			
265	270	275	
taaggccact tgaaggttgt gggtgggtgt			955

<210> 52

<211> 275

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 52

Met Ala Asn Tyr Thr Ala Ala Asp Val Lys Lys Leu Arg Glu Leu Thr		
1	5	10
Gly Ser Gly Met Leu Asp Cys Lys Lys Ala Leu Glu Glu Ser Ala Gly		
20	25	30
Asp Phe Asp Lys Ala Val Glu Ile Leu Arg Val Lys Gly Ala Lys Asp		
35	40	45
Val Gly Lys Arg Ala Glu Arg Asn Ala Thr Glu Gly Leu Val Ala Val		
50	55	60
Ser Gly Asn Thr Met Val Glu Val Asn Ser Glu Thr Asp Phe Val Ala		
65	70	75
Lys Asn Ser Asp Phe Lys Glu Phe Ala Ala Lys Val Ala Asp Ala Ala		
85	90	95
Ala Ala Ala Lys Ala Asn Ser Gln Glu Glu Leu Ala Ala Val Asp Val		
100	105	110
Asp Gly Gln Thr Ala Asp Ala Ala Leu Gln Glu Phe Ser Ala Lys Ile		
115	120	125
Gly Glu Lys Leu Glu Leu Arg Arg Ala Val Thr Leu Glu Gly Asp Lys		
130	135	140
Thr Ala Val Tyr Leu His Gln Arg Ser Ala Asp Leu Pro Pro Ala Val		
145	150	155
Gly Val Leu Val Ala Phe Thr Gly Glu Gly Glu Ala Ala Glu Ala Ala		
165	170	175

Ala Arg Gln Ala Ala Met Gln Ile Ala Ala Leu Lys Ala Ser Tyr Leu
 180 185 190

Thr Arg Glu Asp Val Pro Ala Glu Ile Ile Glu Lys Glu Arg Ser Ile
 195 200 205

Ala Glu Gln Ile Thr Arg Glu Glu Gly Lys Pro Glu Gln Ala Ile Pro
 210 215 220

Lys Ile Val Glu Gly Arg Leu Asn Gly Phe Tyr Lys Glu Asn Val Leu
 225 230 235 240

Leu Glu Gln Ser Ser Val Ala Asp Ser Lys Lys Thr Val Lys Ala Leu
 245 250 255

Leu Asp Glu Ala Gly Val Thr Val Thr Ser Phe Ala Arg Phe Glu Val
 260 265 270

Gly Gln Ala
 275

<210> 53
 <211> 1747
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1717)
 <223> RXA02145

<400> 53
 cactgccaca gctgccatt accgttgatg aagagggcta cctcatcgcc gctggtaact 60

tcattgagcc actcggccct gcattctggg agcgttaagtc atg agt cta gct acc 115
 Met Ser Leu Ala Thr
 1 5

gtg gga aac aat ctt gat tcc cgt tac acc atg gcg tcg ggt atc cgt 163
 Val Gly Asn Asn Leu Asp Ser Arg Tyr Thr Met Ala Ser Gly Ile Arg
 10 15 20

cgc cag atc aac aag gtc ttc cca act cac tgg tcc ttc atg ctc ggc 211
 Arg Gln Ile Asn Lys Val Phe Pro Thr His Trp Ser Phe Met Leu Gly
 25 30 35

gag att gcg ctt tac agc ttc atc gtc ttg ctg ctg act ggt gtc tac 259
 Glu Ile Ala Leu Tyr Ser Phe Ile Val Leu Leu Leu Thr Gly Val Tyr
 40 45 50

ctg acc ctg ttc ttc gac cca tca atc acc aag gtc att tat gac ggc 307
 Leu Thr Leu Phe Phe Asp Pro Ser Ile Thr Lys Val Ile Tyr Asp Gly
 55 60 65

ggc tac ctc cca ctg aac ggt gtg gag atg tcc cgt gca tac gca act 355
 Gly Tyr Leu Pro Leu Asn Gly Val Glu Met Ser Arg Ala Tyr Ala Thr
 70 75 80 85

gcg ttg gat att tcc ttc gag gtt cgc ggt ggt ctg ttc atc cgc cag 403
 Ala Leu Asp Ile Ser Phe Glu Val Arg Gly Gly Leu Phe Ile Arg Gln
 90 95 100

atg cac cac tgg gca gcc ctg ctg ttc gtt gta tcc atg ctg gtt cac 451

Met His His Trp Ala Ala Leu Leu Phe Val Val Ser Met Leu Val His	
105 110 115	
atg ctc cgt att ttc ttc acc ggt gcg ttc cgt cgc cca cgt gaa gca	499
Met Leu Arg Ile Phe Phe Thr Gly Ala Phe Arg Arg Pro Arg Glu Ala	
120 125 130	
aac tgg atc atc ggt gtt gtt ctg atc atc ctg ggt atg gct gaa ggc	547
Asn Trp Ile Ile Gly Val Val Leu Ile Ile Leu Gly Met Ala Glu Gly	
135 140 145	
ttc atg ggt tac tcc ctg cct gat gac ctg ctc tct ggt gtt ggt ctt	595
Phe Met Gly Tyr Ser Leu Pro Asp Asp Leu Leu Ser Gly Val Gly Leu	
150 155 160 165	
cga atc atg tcc gcc atc atc gtt ggt ctt ccg atc ata ggt acc tgg	643
Arg Ile Met Ser Ala Ile Ile Val Gly Leu Pro Ile Ile Gly Thr Trp	
170 175 180	
atg cac tgg ctg atc ttc ggt gga gac ttc cca tcc gat ctg atg ctg	691
Met His Trp Leu Ile Phe Gly Gly Asp Phe Pro Ser Asp Leu Met Leu	
185 190 195	
gac cgc ttc tac atc gca cac gtt cta atc atc cca gct atc ctg ctt	739
Asp Arg Phe Tyr Ile Ala His Val Leu Ile Ile Pro Ala Ile Leu Leu	
200 205 210	
ggc ttg atc gca gct cac ctg gca ctt gtt tgg tac cag aag cac acc	787
Gly Leu Ile Ala Ala His Leu Ala Leu Val Trp Tyr Gln Lys His Thr	
215 220 225	
cag ttc cca ggc gct ggc cgc act gag aac aac gtg atc ggt atc cga	835
Gln Phe Pro Gly Ala Gly Arg Thr Glu Asn Asn Val Ile Gly Ile Arg	
230 235 240 245	
atc atg cct ctg ttc gca gtt aag gct gtt gct ttc ggc ctc atc gtc	883
Ile Met Pro Leu Phe Ala Val Lys Ala Val Ala Phe Gly Leu Ile Val	
250 255 260	
ttc ggt ttc ctc gca ctg ctt gct ggt gtc acc acc att aac gca att	931
Phe Gly Phe Leu Ala Leu Leu Ala Gly Val Thr Thr Ile Asn Ala Ile	
265 270 275	
tgg aat ctt gga ccg tac aac cct tca cag gtg tct gct ggt tcc cag	979
Trp Asn Leu Gly Pro Tyr Asn Pro Ser Gln Val Ser Ala Gly Ser Gln	
280 285 290	
cct gac gtt tac atg ctg tgg aca gat ggt gct gct cgt gtc atg ccg	1027
Pro Asp Val Tyr Met Leu Trp Thr Asp Gly Ala Ala Arg Val Met Pro	
295 300 305	
gca tgg gag ctc tac ctc ggt aac tac act att cca gca gtc ttc tgg	1075
Ala Trp Glu Leu Tyr Leu Gly Asn Tyr Thr Ile Pro Ala Val Phe Trp	
310 315 320 325	
gtt gct gtg atg ctg ggt atc ctc gtg gtt ctg ctt gtg act tac cca	1123
Val Ala Val Met Leu Gly Ile Leu Val Val Leu Leu Val Thr Tyr Pro	
330 335 340	
ttc att gag cgt aag ttc acc ggc gac gat gca cac cac aac ttg ctg	1171
Phe Ile Glu Arg Lys Phe Thr Gly Asp Asp Ala His His Asn Leu Leu	
345 350 355	
cag cgt cct cgc gat gtt cca gtc cgc acc tca ctc ggt gtc atg gcg	1219

Gln	Arg	Pro	Arg	Asp	Val	Pro	Val	Arg	Thr	Ser	Leu	Gly	Val	Met	Ala		
		360					365					370					
ctt	gtc	ttc	tac	atc	ctg	ctt	acc	gtt	tct	ggg	ggg	aac	gat	gtt	tac	1267	
Leu	Val	Phe	Tyr	Ile	Leu	Leu	Thr	Val	Ser	Gly	Gly	Asn	Asp	Val	Tyr		
	375					380					385						
gca	atg	cag	ttc	cat	gtt	tca	ctg	aac	gcg	atg	acc	tgg	atc	ggg	cgt	1315	
Ala	Met	Gln	Phe	His	Val	Ser	Leu	Asn	Ala	Met	Thr	Trp	Ile	Gly	Arg		
390					395				400						405		
atc	ggc	ctc	atc	gtt	gga	cca	gct	att	gca	tac	ttc	atc	act	tac	cga	1363	
Ile	Gly	Leu	Ile	Val	Gly	Pro	Ala	Ile	Ala	Tyr	Phe	Ile	Thr	Tyr	Arg		
				410					415					420			
ctg	tgc	atc	ggc	ttg	cag	cgc	tct	gac	cgc	gag	gtc	ctg	gag	cac	ggc	1411	
Leu	Cys	Ile	Gly	Leu	Gln	Arg	Ser	Asp	Arg	Glu	Val	Leu	Glu	His	Gly		
		425						430					435				
atc	gag	acc	ggg	atc	atc	aag	cag	atg	cca	aat	ggg	gcc	ttc	att	gaa	1459	
Ile	Glu	Thr	Gly	Ile	Ile	Lys	Gln	Met	Pro	Asn	Gly	Ala	Phe	Ile	Glu		
	440					445						450					
gtt	cac	cag	cca	ctt	ggc	cca	gtt	gat	gac	cat	ggg	cac	cca	atc	cca	1507	
Val	His	Gln	Pro	Leu	Gly	Pro	Val	Asp	Asp	His	Gly	His	Pro	Ile	Pro		
	455					460					465						
ctg	cca	tac	gct	ggc	gct	gcg	gtt	cca	aag	cag	atg	aac	cag	ctt	ggg	1555	
Leu	Pro	Tyr	Ala	Gly	Ala	Ala	Val	Pro	Lys	Gln	Met	Asn	Gln	Leu	Gly		
470					475					480					485		
tac	gct	gag	gtt	gaa	acc	cgc	ggg	gga	ttc	ttc	gga	cct	gat	cca	gaa	1603	
Tyr	Ala	Glu	Val	Glu	Thr	Arg	Gly	Gly	Phe	Phe	Gly	Pro	Asp	Pro	Glu		
				490					495					500			
gac	atc	cgt	gcg	aag	gct	aag	gaa	att	gag	cac	gca	aac	cac	att	gag	1651	
Asp	Ile	Arg	Ala	Lys	Ala	Lys	Glu	Ile	Glu	His	Ala	Asn	His	Ile	Glu		
			505					510					515				
gaa	gcg	aac	act	ctt	cgt	gca	ctc	aac	gag	gca	aac	att	gag	cgt	gac	1699	
Glu	Ala	Asn	Thr	Leu	Arg	Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Asn	Ile	Glu	Arg	Asp		
		520					525					530					
aag	aat	gag	ggc	aag	aac	tagttttctag	gacttcatct	ctgaaactcc								1747	
Lys	Asn	Glu	Gly	Lys	Asn												
	535																

<210> 54

<211> 539

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 54

Met	Ser	Leu	Ala	Thr	Val	Gly	Asn	Asn	Leu	Asp	Ser	Arg	Tyr	Thr	Met
1				5					10					15	

Ala	Ser	Gly	Ile	Arg	Arg	Gln	Ile	Asn	Lys	Val	Phe	Pro	Thr	His	Trp
		20					25						30		

Ser	Phe	Met	Leu	Gly	Glu	Ile	Ala	Leu	Tyr	Ser	Phe	Ile	Val	Leu	Leu
		35					40					45			

Leu Thr Gly Val Tyr Leu Thr Leu Phe Phe Asp Pro Ser Ile Thr Lys
 50 55 60
 Val Ile Tyr Asp Gly Gly Tyr Leu Pro Leu Asn Gly Val Glu Met Ser
 65 70 75 80
 Arg Ala Tyr Ala Thr Ala Leu Asp Ile Ser Phe Glu Val Arg Gly Gly
 85 90 95
 Leu Phe Ile Arg Gln Met His His Trp Ala Ala Leu Leu Phe Val Val
 100 105 110
 Ser Met Leu Val His Met Leu Arg Ile Phe Phe Thr Gly Ala Phe Arg
 115 120 125
 Arg Pro Arg Glu Ala Asn Trp Ile Ile Gly Val Val Leu Ile Ile Leu
 130 135 140
 Gly Met Ala Glu Gly Phe Met Gly Tyr Ser Leu Pro Asp Asp Leu Leu
 145 150 155 160
 Ser Gly Val Gly Leu Arg Ile Met Ser Ala Ile Ile Val Gly Leu Pro
 165 170 175
 Ile Ile Gly Thr Trp Met His Trp Leu Ile Phe Gly Gly Asp Phe Pro
 180 185 190
 Ser Asp Leu Met Leu Asp Arg Phe Tyr Ile Ala His Val Leu Ile Ile
 195 200 205
 Pro Ala Ile Leu Leu Gly Leu Ile Ala Ala His Leu Ala Leu Val Trp
 210 215 220
 Tyr Gln Lys His Thr Gln Phe Pro Gly Ala Gly Arg Thr Glu Asn Asn
 225 230 235 240
 Val Ile Gly Ile Arg Ile Met Pro Leu Phe Ala Val Lys Ala Val Ala
 245 250 255
 Phe Gly Leu Ile Val Phe Gly Phe Leu Ala Leu Leu Ala Gly Val Thr
 260 265 270
 Thr Ile Asn Ala Ile Trp Asn Leu Gly Pro Tyr Asn Pro Ser Gln Val
 275 280 285
 Ser Ala Gly Ser Gln Pro Asp Val Tyr Met Leu Trp Thr Asp Gly Ala
 290 295 300
 Ala Arg Val Met Pro Ala Trp Glu Leu Tyr Leu Gly Asn Tyr Thr Ile
 305 310 315 320
 Pro Ala Val Phe Trp Val Ala Val Met Leu Gly Ile Leu Val Val Leu
 325 330 335
 Leu Val Thr Tyr Pro Phe Ile Glu Arg Lys Phe Thr Gly Asp Asp Ala
 340 345 350
 His His Asn Leu Leu Gln Arg Pro Arg Asp Val Pro Val Arg Thr Ser
 355 360 365
 Leu Gly Val Met Ala Leu Val Phe Tyr Ile Leu Leu Thr Val Ser Gly
 370 375 380
 Gly Asn Asp Val Tyr Ala Met Gln Phe His Val Ser Leu Asn Ala Met

385 390 395 400

Thr Trp Ile Gly Arg Ile Gly Leu Ile Val Gly Pro Ala Ile Ala Tyr
405 410 415

Phe Ile Thr Tyr Arg Leu Cys Ile Gly Leu Gln Arg Ser Asp Arg Glu
420 425 430

Val Leu Glu His Gly Ile Glu Thr Gly Ile Ile Lys Gln Met Pro Asn
435 440 445

Gly Ala Phe Ile Glu Val His Gln Pro Leu Gly Pro Val Asp Asp His
450 455 460

Gly His Pro Ile Pro Leu Pro Tyr Ala Gly Ala Ala Val Pro Lys Gln
465 470 475 480

Met Asn Gln Leu Gly Tyr Ala Glu Val Glu Thr Arg Gly Gly Phe Phe
485 490 495

Gly Pro Asp Pro Glu Asp Ile Arg Ala Lys Ala Lys Glu Ile Glu His
500 505 510

Ala Asn His Ile Glu Glu Ala Asn Thr Leu Arg Ala Leu Asn Glu Ala
515 520 525

Asn Ile Glu Arg Asp Lys Asn Glu Gly Lys Asn
530 535

<210> 55
<211> 448
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(418)
<223> RXA02236

<400> 55
gcaggctgac atccttggtgta ttaaccaggt gtaccctcga tttctggata ctttggtatt 60

ccttttgtca ctaaaaacca cacgataacg gaggaacccc gtg gcc ctt cca cag 115
Val Ala Leu Pro Gln
1 5

ttg act gat gag cag cgc aag gca gcg ctt gct aag gca gca gag gca 163
Leu Thr Asp Glu Gln Arg Lys Ala Ala Leu Ala Lys Ala Ala Glu Ala
10 15 20

cgc aag gca cgc gca gag ctg aaa gag aac ctg aag cgc ggc aac act 211
Arg Lys Ala Arg Ala Glu Leu Lys Glu Asn Leu Lys Arg Gly Asn Thr
25 30 35

aac ctg agg gaa gtt ctg gac aag gct gag tct gac gag atc atc ggc 259
Asn Leu Arg Glu Val Leu Asp Lys Ala Glu Ser Asp Glu Ile Ile Gly
40 45 50

aag acc aag gtc tcc gct ctg ctg gag gct ctg cct aag gtt ggc aag 307
Lys Thr Lys Val Ser Ala Leu Leu Glu Ala Leu Pro Lys Val Gly Lys
55 60 65

gtc aag gca aag gag att atg gac gag ctg ggc att gct cag acc cgt 355

Val Lys Ala Lys Glu Ile Met Asp Glu Leu Gly Ile Ala Gln Thr Arg
 70 75 80 85
 cgt ctt cgt gga ctg ggt gac cgt cag cgt cgc gca ctt ctc gag cgt 403
 Arg Leu Arg Gly Leu Gly Asp Arg Gln Arg Arg Ala Leu Leu Glu Arg
 90 95 100
 ttc ggc ttc gag gat taattcttca gtgtcgggcg ataaccaact 448
 Phe Gly Phe Glu Asp
 105

<210> 56
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 56
 Val Ala Leu Pro Gln Leu Thr Asp Glu Gln Arg Lys Ala Ala Leu Ala
 1 5 10 15
 Lys Ala Ala Glu Ala Arg Lys Ala Arg Ala Glu Leu Lys Glu Asn Leu
 20 25 30
 Lys Arg Gly Asn Thr Asn Leu Arg Glu Val Leu Asp Lys Ala Glu Ser
 35 40 45
 Asp Glu Ile Ile Gly Lys Thr Lys Val Ser Ala Leu Leu Glu Ala Leu
 50 55 60
 Pro Lys Val Gly Lys Val Lys Ala Lys Glu Ile Met Asp Glu Leu Gly
 65 70 75 80
 Ile Ala Gln Thr Arg Arg Leu Arg Gly Leu Gly Asp Arg Gln Arg Arg
 85 90 95
 Ala Leu Leu Glu Arg Phe Gly Phe Glu Asp
 100 105

<210> 57
 <211> 1003
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(973)
 <223> RXA02267

<400> 57
 tgcgctcggc aagtgttttg cttatcgacg tctccccaca taacaatccc aactcgaagc 60
 accaacgatt caagccttat cagttttgta caggaaaata gtg caa aaa tgg ggt 115
 Val Gln Lys Trp Gly
 1 5
 tta agc ttc gtg gag agg att gtc atc atg aac aac gtg caa cag ttt 163
 Leu Ser Phe Val Glu Arg Ile Val Ile Met Asn Asn Val Gln Gln Phe
 10 15 20
 cat cga ttt ttt gat gat tcc gca gtc tat tat ccc tgc ttc gtc ccg 211

His Arg Phe Phe Asp Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Pro Cys Phe Val Pro	
25 30 35	
ctt gac cga gcc atc ggc gaa cac ttt gat cgt cag aac aaa ccg atg	259
Leu Asp Arg Ala Ile Gly Glu His Phe Asp Arg Gln Asn Lys Pro Met	
40 45 50	
tcc aga ttc atc gga acg ctc att ctg ccg tta gcc aaa ctg gaa gaa	307
Ser Arg Phe Ile Gly Thr Leu Ile Leu Pro Leu Ala Lys Leu Glu Glu	
55 60 65	
gcc gcc caa tac acc ggc gat gaa gtc ctt cgc gtg tcg gca gta atc	355
Ala Ala Gln Tyr Thr Gly Asp Glu Val Leu Arg Val Ser Ala Val Ile	
70 75 80 85	
agt act gat ggg ctc gct gat ctg cga agg gat ttt tac gaa ctc ccc	403
Ser Thr Asp Gly Leu Ala Asp Leu Arg Arg Asp Phe Tyr Glu Leu Pro	
90 95 100	
aac atc gac atc gcc tcg gtg gaa atc aag ctg gtc ggc gca gcc ctc	451
Asn Ile Asp Ile Ala Ser Val Glu Ile Lys Leu Val Gly Ala Ala Leu	
105 110 115	
acc aac acc gct tgg ttg gga gat gtg gaa aaa ctc atc caa caa cat	499
Thr Asn Thr Ala Trp Leu Gly Asp Val Glu Lys Leu Ile Gln Gln His	
120 125 130	
cgc aac act ttc gta tgg gtt gag att ccg aca gcc ctg gtc acc gca	547
Arg Asn Thr Phe Val Trp Val Glu Ile Pro Thr Ala Leu Val Thr Ala	
135 140 145	
gat att gtc cga aaa ctc cgc cac atg gga gct ggc ctg aaa tac aga	595
Asp Ile Val Arg Lys Leu Arg His Met Gly Ala Gly Leu Lys Tyr Arg	
150 155 160 165	
act gga ggt gat agg gaa gag ctc ttc ccc tca ccg cag gac ttg gtc	643
Thr Gly Gly Asp Arg Glu Glu Leu Phe Pro Ser Pro Gln Asp Leu Val	
170 175 180	
act gtg ctg cgc acc gcc atc gat gct gca ttg ccg ttt aaa ctc act	691
Thr Val Leu Arg Thr Ala Ile Asp Ala Ala Leu Pro Phe Lys Leu Thr	
185 190 195	
gca ggc ctg cat cgt gct ctc agg tat cgt gac gag aaa acc ggc cga	739
Ala Gly Leu His Arg Ala Leu Arg Tyr Arg Asp Glu Lys Thr Gly Arg	
200 205 210	
ctt cac ttc gga ttc ctc aac att gca gcc gcc gtg gcg aca ctt cgt	787
Leu His Phe Gly Phe Leu Asn Ile Ala Ala Ala Val Ala Thr Leu Arg	
215 220 225	
gct gga aaa ggc gag gca gag gca ctg aag atc ctt gaa ggc gat gat	835
Ala Gly Lys Gly Glu Ala Glu Ala Leu Lys Ile Leu Glu Gly Asp Asp	
230 235 240 245	
gcc gct ccg ctt att cac gca cta caa agc ggc gaa aac tgg cgg gat	883
Ala Ala Pro Leu Ile His Ala Leu Gln Ser Gly Glu Asn Trp Arg Asp	
250 255 260	
tcc ttc cgc agc ttc agt acc tgc aat gtt gtt gaa cca ctc aac act	931
Ser Phe Arg Ser Phe Ser Thr Cys Asn Val Val Glu Pro Leu Asn Thr	
265 270 275	
ctg att gat ctt gat gtg ttg gcg gaa gga gac gta cat ccc	973

Leu Ile Asp Leu Asp Val Leu Ala Glu Gly Asp Val His Pro
 280 285 290

taaggatcga cgctagtttag atcgggttttt

1003

<210> 58

<211> 291

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 58

Val Gln Lys Trp Gly Leu Ser Phe Val Glu Arg Ile Val Ile Met Asn
 1 5 10 15
 Asn Val Gln Gln Phe His Arg Phe Phe Asp Asp Ser Ala Val Tyr Tyr
 20 25 30
 Pro Cys Phe Val Pro Leu Asp Arg Ala Ile Gly Glu His Phe Asp Arg
 35 40 45
 Gln Asn Lys Pro Met Ser Arg Phe Ile Gly Thr Leu Ile Leu Pro Leu
 50 55 60
 Ala Lys Leu Glu Glu Ala Ala Gln Tyr Thr Gly Asp Glu Val Leu Arg
 65 70 75 80
 Val Ser Ala Val Ile Ser Thr Asp Gly Leu Ala Asp Leu Arg Arg Asp
 85 90 95
 Phe Tyr Glu Leu Pro Asn Ile Asp Ile Ala Ser Val Glu Ile Lys Leu
 100 105 110
 Val Gly Ala Ala Leu Thr Asn Thr Ala Trp Leu Gly Asp Val Glu Lys
 115 120 125
 Leu Ile Gln Gln His Arg Asn Thr Phe Val Trp Val Glu Ile Pro Thr
 130 135 140
 Ala Leu Val Thr Ala Asp Ile Val Arg Lys Leu Arg His Met Gly Ala
 145 150 155 160
 Gly Leu Lys Tyr Arg Thr Gly Gly Asp Arg Glu Glu Leu Phe Pro Ser
 165 170 175
 Pro Gln Asp Leu Val Thr Val Leu Arg Thr Ala Ile Asp Ala Ala Leu
 180 185 190
 Pro Phe Lys Leu Thr Ala Gly Leu His Arg Ala Leu Arg Tyr Arg Asp
 195 200 205
 Glu Lys Thr Gly Arg Leu His Phe Gly Phe Leu Asn Ile Ala Ala Ala
 210 215 220
 Val Ala Thr Leu Arg Ala Gly Lys Gly Glu Ala Glu Ala Leu Lys Ile
 225 230 235 240
 Leu Glu Gly Asp Asp Ala Ala Pro Leu Ile His Ala Leu Gln Ser Gly
 245 250 255
 Glu Asn Trp Arg Asp Ser Phe Arg Ser Phe Ser Thr Cys Asn Val Val
 260 265 270
 Glu Pro Leu Asn Thr Leu Ile Asp Leu Asp Val Leu Ala Glu Gly Asp

275 280 285

Val His Pro
290

<210> 59
<211> 1984
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1954)
<223> RXA02280

<400> 59
ggtcgaggtg tcgtagatgt caatgagctt cgcgattgcg tcatcgatcg ttgttgcttc 60

catgcgcacc acactatctt tctgcacgcc ctgatgccct gtg gat tca aaa ctg 115
Val Asp Ser Lys Leu
1 5

tgc ttt tat agg cgt atg caa gaa tcc tca cgt gat aat ttc caa gtt 163
Cys Phe Tyr Arg Arg Met Gln Glu Ser Ser Arg Asp Asn Phe Gln Val
10 15 20

gac ctc ggc ggc gtt gtt gat ctt ttg agt cgc cac att tat tcc ggt 211
Asp Leu Gly Gly Val Val Asp Leu Leu Ser Arg His Ile Tyr Ser Gly
25 30 35

ccg agg gtg tat gtg cgt gag ttg ctg cag aat gcg gtt gat gct tgt 259
Pro Arg Val Tyr Val Arg Glu Leu Leu Gln Asn Ala Val Asp Ala Cys
40 45 50

act gca cgt tct gaa cag ggt gag gag ggc tac gag ccg agt att cgt 307
Thr Ala Arg Ser Glu Gln Gly Glu Glu Gly Tyr Glu Pro Ser Ile Arg
55 60 65

att cgg ccg gtg acc aag gat cgt gcc acg ttt tca ctg gtt gat aat 355
Ile Arg Pro Val Thr Lys Asp Arg Ala Thr Phe Ser Leu Val Asp Asn
70 75 80 85

ggc acg ggc ctg acc gcg cag gag gcg ccg gaa ttg ctg gcg acg gtg 403
Gly Thr Gly Leu Thr Ala Gln Glu Ala Arg Glu Leu Leu Ala Thr Val
90 95 100

ggg cgg acg tcg aaa cgc gat gaa ttc ggt ctg cag ccg gaa ggt cgc 451
Gly Arg Thr Ser Lys Arg Asp Glu Phe Gly Leu Gln Arg Glu Gly Arg
105 110 115

ctg ggg caa ttt ggc atc ggg ctg ctt agt tgt ttc atg gtg gcg gat 499
Leu Gly Gln Phe Gly Ile Gly Leu Leu Ser Cys Phe Met Val Ala Asp
120 125 130

gag atc acc atg gtg tcg cat gcg gag ggt gcg tcg gcg att ccg tgg 547
Glu Ile Thr Met Val Ser His Ala Glu Gly Ala Ser Ala Ile Arg Trp
135 140 145

act ggt cat gcg gat ggc acc ttt aac ctg gag att ctt ggg gat gac 595
Thr Gly His Ala Asp Gly Thr Phe Asn Leu Glu Ile Leu Gly Asp Asp
150 155 160 165

gca acg gat gtc att ccg gtg ggc acg act gtg cac ctg act ccg cgc 643

Ala	Thr	Asp	Val	Ile	Pro	Val	Gly	Thr	Thr	Val	His	Leu	Thr	Pro	Arg	
				170					175					180		
cct	gat	gag	cgc	acg	ttg	ctg	acg	gaa	aat	tcc	gtg	gtc	acc	att	gct	691
Pro	Asp	Glu	Arg	Thr	Leu	Leu	Thr	Glu	Asn	Ser	Val	Val	Thr	Ile	Ala	
			185					190					195			
agt	aat	tat	ggc	cgc	tac	ctg	ccg	att	cct	att	gtg	gtg	cag	ggg	gag	739
Ser	Asn	Tyr	Gly	Arg	Tyr	Leu	Pro	Ile	Pro	Ile	Val	Val	Gln	Gly	Glu	
		200					205					210				
aaa	aac	acc	acc	atc	act	aca	tcg	ccg	gtg	ttt	gca	aag	gat	act	gat	787
Lys	Asn	Thr	Thr	Ile	Thr	Thr	Ser	Pro	Val	Phe	Ala	Lys	Asp	Thr	Asp	
		215					220				225					
cag	cag	cac	agg	ctg	tat	gcc	ggc	cgg	gag	cgc	ctt	ggg	aaa	act	cct	835
Gln	Gln	His	Arg	Leu	Tyr	Ala	Gly	Arg	Glu	Arg	Leu	Gly	Lys	Thr	Pro	
230						235				240					245	
ttt	gat	gtc	atc	gat	ctc	acc	ggg	cct	ggc	atc	gag	ggg	gtg	gct	tat	883
Phe	Asp	Val	Ile	Asp	Leu	Thr	Gly	Pro	Gly	Ile	Glu	Gly	Val	Ala	Tyr	
				250					255					260		
gta	ttg	ccg	gag	gcc	cag	gct	ccg	cat	atg	tcc	agg	cgt	cac	agt	att	931
Val	Leu	Pro	Glu	Ala	Gln	Ala	Pro	His	Met	Ser	Arg	Arg	His	Ser	Ile	
			265					270					275			
tat	gtc	aac	cgc	atg	ttg	gtc	tct	gat	ggg	cct	tcc	acg	gtg	ctg	ccc	979
Tyr	Val	Asn	Arg	Met	Leu	Val	Ser	Asp	Gly	Pro	Ser	Thr	Val	Leu	Pro	
		280					285					290				
aac	tgg	gcg	ttc	ttt	gtg	gaa	tgt	gaa	atc	aat	tca	acc	gat	ttg	gaa	1027
Asn	Trp	Ala	Phe	Phe	Val	Glu	Cys	Glu	Ile	Asn	Ser	Thr	Asp	Leu	Glu	
		295				300					305					
ccc	acc	gca	tcg	cgt	gaa	gcg	ctc	atg	gat	gac	acc	gcg	ttc	gcg	gca	1075
Pro	Thr	Ala	Ser	Arg	Glu	Ala	Leu	Met	Asp	Asp	Thr	Ala	Phe	Ala	Ala	
310						315				320					325	
acc	agg	gaa	cat	atc	ggg	gag	tgc	att	aaa	tcg	tgg	ctg	att	aat	ctc	1123
Thr	Arg	Glu	His	Ile	Gly	Glu	Cys	Ile	Lys	Ser	Trp	Leu	Ile	Asn	Leu	
				330					335					340		
gcc	atg	acc	aag	cct	cac	cgc	gtg	cgg	gaa	ttt	act	gcg	att	cat	gat	1171
Ala	Met	Thr	Lys	Pro	His	Arg	Val	Arg	Glu	Phe	Thr	Ala	Ile	His	Asp	
			345					350					355			
ctt	gcc	ctg	cgc	gag	ctg	tgc	caa	tcg	gac	gcg	gac	ctg	gct	gaa	acc	1219
Leu	Ala	Leu	Arg	Glu	Leu	Cys	Gln	Ser	Asp	Ala	Asp	Leu	Ala	Glu	Thr	
		360					365					370				
atg	ttg	ggg	ctt	ctc	acc	ttg	gag	acc	tcc	cgt	ggg	cgc	atc	tcg	atc	1267
Met	Leu	Gly	Leu	Leu	Thr	Leu	Glu	Thr	Ser	Arg	Gly	Arg	Ile	Ser	Ile	
		375					380				385					
ggg	gag	atc	acc	acg	ttg	tcc	atc	acc	gag	gat	gtg	tcg	ctg	cag	ctg	1315
Gly	Glu	Ile	Thr	Thr	Leu	Ser	Ile	Thr	Glu	Asp	Val	Ser	Leu	Gln	Leu	
390						395				400					405	
gct	acc	acg	ttg	gat	gat	ttc	agg	cag	ctc	aac	acc	att	gcg	cgc	ccg	1363
Ala	Thr	Thr	Leu	Asp	Asp	Phe	Arg	Gln	Leu	Asn	Thr	Ile	Ala	Arg	Pro	
				410					415				420			
gac	acc	ttg	att	att	aat	ggc	ggc	tac	att	cac	gac	agc	gat	ctg	gct	1411

```

Asp Thr Leu Ile Ile Asn Gly Gly Tyr Ile His Asp Ser Asp Leu Ala
    425                                430                                435

cgg ctc att ccc gtt cac tac cca ccg ctt acg gta tct act gct gac    1459
Arg Leu Ile Pro Val His Tyr Pro Pro Leu Thr Val Ser Thr Ala Asp
    440                                445                                450

ctg cgc gaa tcc atg gat ctg atg gag ctt ccg ccg ctg cag gac att    1507
Leu Arg Glu Ser Met Asp Leu Met Glu Leu Pro Pro Leu Gln Asp Ile
    455                                460                                465

gag aaa gcc aag gca ctg gat gcg cag gtc acg gaa tca ttg aag gat    1555
Glu Lys Ala Lys Ala Leu Asp Ala Gln Val Thr Glu Ser Leu Lys Asp
    470                                475                                480                                485

ttt cag atc aag ggc gca acg agg gtt ttt gaa ccc gca gat gtt cct    1603
Phe Gln Ile Lys Gly Ala Thr Arg Val Phe Glu Pro Ala Asp Val Pro
    490                                495                                500

gcc gtg gtg atc att gat tcc aag gcg cag gcc tca cgg gat cgc aat    1651
Ala Val Val Ile Ile Asp Ser Lys Ala Gln Ala Ser Arg Asp Arg Asn
    505                                510                                515

gaa aca caa agc gca acc act gat cgt tgg gct gac att ttg gca acg    1699
Glu Thr Gln Ser Ala Thr Thr Asp Arg Trp Ala Asp Ile Leu Ala Thr
    520                                525                                530

gtg gat aac acg ttg agc cgt caa aca gcc aac att cca cag gat cag    1747
Val Asp Asn Thr Leu Ser Arg Gln Thr Ala Asn Ile Pro Gln Asp Gln
    535                                540                                545

gga ctg tcg gcg ttg tgc ttg aat tgg aac aat tcg ctg gtc agg aaa    1795
Gly Leu Ser Ala Leu Cys Leu Asn Trp Asn Asn Ser Leu Val Arg Lys
    550                                555                                560                                565

ttg gcg tcc act gat gac acc gcc gtg gtg tcg cgc acg gtg cgt ttg    1843
Leu Ala Ser Thr Asp Asp Thr Ala Val Val Ser Arg Thr Val Arg Leu
    570                                575                                580

ctc tac gtt cag gca ttg ttg tcc agc aag agg cca ctg cgg gtg aag    1891
Leu Tyr Val Gln Ala Leu Leu Ser Ser Lys Arg Pro Leu Arg Val Lys
    585                                590                                595

gaa cgc gcg ctg ctt aat gat tcg ctg gca gat ctg gtt tct ttg tct    1939
Glu Arg Ala Leu Leu Asn Asp Ser Leu Ala Asp Leu Val Ser Leu Ser
    600                                605                                610

ttg tca tcc gat atc taagacaatc ctccgctaata ctcgagggca    1984
Leu Ser Ser Asp Ile
    615

```

<210> 60

<211> 618

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 60

```

Val Asp Ser Lys Leu Cys Phe Tyr Arg Arg Met Gln Glu Ser Ser Arg
  1              5              10              15

```

```

Asp Asn Phe Gln Val Asp Leu Gly Gly Val Val Asp Leu Leu Ser Arg

```

20							25							30						
His	Ile	Tyr	Ser	Gly	Pro	Arg	Val	Tyr	Val	Arg	Glu	Leu	Leu	Gln	Asn					
		35					40					45								
Ala	Val	Asp	Ala	Cys	Thr	Ala	Arg	Ser	Glu	Gln	Gly	Glu	Glu	Gly	Tyr					
	50					55					60									
Glu	Pro	Ser	Ile	Arg	Ile	Arg	Pro	Val	Thr	Lys	Asp	Arg	Ala	Thr	Phe					
65					70					75					80					
Ser	Leu	Val	Asp	Asn	Gly	Thr	Gly	Leu	Thr	Ala	Gln	Glu	Ala	Arg	Glu					
				85					90					95						
Leu	Leu	Ala	Thr	Val	Gly	Arg	Thr	Ser	Lys	Arg	Asp	Glu	Phe	Gly	Leu					
			100					105					110							
Gln	Arg	Glu	Gly	Arg	Leu	Gly	Gln	Phe	Gly	Ile	Gly	Leu	Leu	Ser	Cys					
		115					120					125								
Phe	Met	Val	Ala	Asp	Glu	Ile	Thr	Met	Val	Ser	His	Ala	Glu	Gly	Ala					
	130					135					140									
Ser	Ala	Ile	Arg	Trp	Thr	Gly	His	Ala	Asp	Gly	Thr	Phe	Asn	Leu	Glu					
145					150					155					160					
Ile	Leu	Gly	Asp	Asp	Ala	Thr	Asp	Val	Ile	Pro	Val	Gly	Thr	Thr	Val					
				165					170					175						
His	Leu	Thr	Pro	Arg	Pro	Asp	Glu	Arg	Thr	Leu	Leu	Thr	Glu	Asn	Ser					
			180					185					190							
Val	Val	Thr	Ile	Ala	Ser	Asn	Tyr	Gly	Arg	Tyr	Leu	Pro	Ile	Pro	Ile					
		195					200					205								
Val	Val	Gln	Gly	Glu	Lys	Asn	Thr	Thr	Ile	Thr	Thr	Ser	Pro	Val	Phe					
	210					215					220									
Ala	Lys	Asp	Thr	Asp	Gln	Gln	His	Arg	Leu	Tyr	Ala	Gly	Arg	Glu	Arg					
225					230					235					240					
Leu	Gly	Lys	Thr	Pro	Phe	Asp	Val	Ile	Asp	Leu	Thr	Gly	Pro	Gly	Ile					
				245					250					255						
Glu	Gly	Val	Ala	Tyr	Val	Leu	Pro	Glu	Ala	Gln	Ala	Pro	His	Met	Ser					
			260					265					270							
Arg	Arg	His	Ser	Ile	Tyr	Val	Asn	Arg	Met	Leu	Val	Ser	Asp	Gly	Pro					
		275					280					285								
Ser	Thr	Val	Leu	Pro	Asn	Trp	Ala	Phe	Phe	Val	Glu	Cys	Glu	Ile	Asn					
	290					295					300									
Ser	Thr	Asp	Leu	Glu	Pro	Thr	Ala	Ser	Arg	Glu	Ala	Leu	Met	Asp	Asp					
305					310					315					320					
Thr	Ala	Phe	Ala	Ala	Thr	Arg	Glu	His	Ile	Gly	Glu	Cys	Ile	Lys	Ser					
				325					330					335						
Trp	Leu	Ile	Asn	Leu	Ala	Met	Thr	Lys	Pro	His	Arg	Val	Arg	Glu	Phe					
			340					345					350							
Thr	Ala	Ile	His	Asp	Leu	Ala	Leu	Arg	Glu	Leu	Cys	Gln	Ser	Asp	Ala					
		355					360					365								

Asp Leu Ala Glu Thr Met Leu Gly Leu Leu Thr Leu Glu Thr Ser Arg
 370 375 380
 Gly Arg Ile Ser Ile Gly Glu Ile Thr Thr Leu Ser Ile Thr Glu Asp
 385 390 395 400
 Val Ser Leu Gln Leu Ala Thr Thr Leu Asp Asp Phe Arg Gln Leu Asn
 405 410 415
 Thr Ile Ala Arg Pro Asp Thr Leu Ile Ile Asn Gly Gly Tyr Ile His
 420 425 430
 Asp Ser Asp Leu Ala Arg Leu Ile Pro Val His Tyr Pro Pro Leu Thr
 435 440 445
 Val Ser Thr Ala Asp Leu Arg Glu Ser Met Asp Leu Met Glu Leu Pro
 450 455 460
 Pro Leu Gln Asp Ile Glu Lys Ala Lys Ala Leu Asp Ala Gln Val Thr
 465 470 475 480
 Glu Ser Leu Lys Asp Phe Gln Ile Lys Gly Ala Thr Arg Val Phe Glu
 485 490 495
 Pro Ala Asp Val Pro Ala Val Val Ile Ile Asp Ser Lys Ala Gln Ala
 500 505 510
 Ser Arg Asp Arg Asn Glu Thr Gln Ser Ala Thr Thr Asp Arg Trp Ala
 515 520 525
 Asp Ile Leu Ala Thr Val Asp Asn Thr Leu Ser Arg Gln Thr Ala Asn
 530 535 540
 Ile Pro Gln Asp Gln Gly Leu Ser Ala Leu Cys Leu Asn Trp Asn Asn
 545 550 555 560
 Ser Leu Val Arg Lys Leu Ala Ser Thr Asp Asp Thr Ala Val Val Ser
 565 570 575
 Arg Thr Val Arg Leu Leu Tyr Val Gln Ala Leu Leu Ser Ser Lys Arg
 580 585 590
 Pro Leu Arg Val Lys Glu Arg Ala Leu Leu Asn Asp Ser Leu Ala Asp
 595 600 605
 Leu Val Ser Leu Ser Leu Ser Ser Asp Ile
 610 615

<210> 61

<211> 1792

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1762)

<223> RXA02388

<400> 61

ttcgggagag caacggtggg tttagcaccg tggaggattt actgcagggtc aaggggattg 60

ggcctcaaa gtttgagcag atctctggat tgggtgtccc atg att gag gtg cgt 115
 Met Ile Glu Val Arg

															1			5
ttg	gtt	ccg	gtg	gcg	gct	gtg	atg	tgg	atg	gct	gtc	gct	gcg	ttg	att	163		
Leu	Val	Pro	Val	Ala	Ala	Val	Met	Trp	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Ile			
				10					15					20				
atc	agt	ggg	tgc	tgg	gtg	ttg	tgc	gtg	ggg	att	gtt	ggc	atc	gcg	atc	211		
Ile	Ser	Gly	Ser	Trp	Val	Leu	Ser	Val	Gly	Ile	Val	Gly	Ile	Ala	Ile			
				25					30					35				
att	gct	gct	tgt	gtg	ttt	aaa	cac	tgg	ggg	caa	gct	gtg	gtg	ata	gct	259		
Ile	Ala	Ala	Cys	Val	Phe	Lys	His	Trp	Gly	Gln	Ala	Val	Val	Ile	Ala			
				40					45					50				
gca	ctg	ggc	gtt	ggg	gcc	gta	gtg	atg	gct	gcg	ttg	aga	atc	agc	agc	307		
Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Val	Val	Met	Ala	Ala	Leu	Arg	Ile	Ser	Ser			
				55					60					65				
gcg	aag	gca	ttt	gaa	gca	ccg	caa	acc	tgg	gtg	ggg	acc	gca	gaa	acc	355		
Ala	Lys	Ala	Phe	Glu	Ala	Pro	Gln	Thr	Trp	Val	Gly	Thr	Ala	Glu	Thr			
				70					75					80				
atc	aag	ttt	tta	gac	agc	ggg	gat	caa	cta	atc	ggg	ttg	aga	gta	gaa	403		
Ile	Lys	Phe	Leu	Asp	Ser	Gly	Asp	Gln	Leu	Ile	Gly	Leu	Arg	Val	Glu			
				90					95					100				
ggc	tat	cca	gcg	ccg	att	cca	gtg	ttt	tac	tct	ggg	agc	gac	acc	att	451		
Gly	Tyr	Pro	Ala	Pro	Ile	Pro	Val	Phe	Tyr	Ser	Gly	Ser	Asp	Thr	Ile			
				105					110					115				
gag	aaa	gcc	tct	ctc	att	gca	gtg	tcc	ggg	cgg	att	aaa	cca	gat	agt	499		
Glu	Lys	Ala	Ser	Leu	Ile	Ala	Val	Ser	Gly	Arg	Ile	Lys	Pro	Asp	Ser			
				120					125					130				
ttc	cct	ggg	gtg	ggg	gat	ctg	acc	att	tcc	act	gaa	gac	att	gat	cag	547		
Phe	Pro	Gly	Val	Gly	Asp	Leu	Thr	Ile	Ser	Thr	Glu	Asp	Ile	Asp	Gln			
				135					140					145				
ttg	gaa	ccg	acc	act	ggg	tat	agc	gca	tgg	gtg	aac	cag	gtg	cgt	gac	595		
Leu	Glu	Pro	Thr	Thr	Gly	Tyr	Ser	Ala	Trp	Val	Asn	Gln	Val	Arg	Asp			
				150					155					160				
ggg	ttt	tcc	caa	gcc	gtg	gaa	gaa	acc	gtg	ggg	gag	tct	tcc	cgt	gga	643		
Gly	Phe	Ser	Gln	Ala	Val	Glu	Glu	Thr	Val	Gly	Glu	Ser	Ser	Arg	Gly			
				170					175					180				
ctg	att	cca	ggc	atg	gtg	ttg	ggg	gat	acg	cgg	ttg	cag	ggg	tca	att	691		
Leu	Ile	Pro	Gly	Met	Val	Leu	Gly	Asp	Thr	Arg	Leu	Gln	Gly	Ser	Ile			
				185					190					195				
gaa	gcc	caa	acc	tat	att	gat	acg	ggg	ttg	tct	cac	ctg	tca	gct	gtt	739		
Glu	Ala	Gln	Thr	Tyr	Ile	Asp	Thr	Gly	Leu	Ser	His	Leu	Ser	Ala	Val			
				200					205					210				
agt	gga	agc	aat	gta	gcc	att	gtg	gtg	tcc	tct	gtg	gtg	gtg	ttg	tgc	787		
Ser	Gly	Ser	Asn	Val	Ala	Ile	Val	Val	Ser	Ser	Val	Val	Val	Leu	Ser			
				215					220					225				
tat	ttt	ctc	acc	gct	ggg	cca	cgc	atc	agg	gtg	gtg	gcg	tca	ttg	ctg	835		
Tyr	Phe	Leu</																

Ser	Leu	Val	Ile	Phe	Val	Ser	Leu	Val	Gly	Phe	Glu	Pro	Ser	Val	Leu	
				250					255					260		
cgt	gct	tcg	gtc	aca	ggc	atc	gtg	ggg	ctt	ctg	gca	atc	atc	aac	tct	931
Arg	Ala	Ser	Val	Thr	Gly	Ile	Val	Gly	Leu	Leu	Ala	Ile	Ile	Asn	Ser	
			265					270					275			
tct	cgg	atg	gag	ccg	atg	cat	ggg	ttg	agt	ctt	tcg	gtg	att	tgc	tta	979
Ser	Arg	Met	Glu	Pro	Met	His	Gly	Leu	Ser	Leu	Ser	Val	Ile	Cys	Leu	
		280					285					290				
ctg	ttt	tat	gat	tcc	aac	ctg	gcg	gtg	cat	tac	gga	ttc	tta	ctc	tcg	1027
Leu	Phe	Tyr	Asp	Ser	Asn	Leu	Ala	Val	His	Tyr	Gly	Phe	Leu	Leu	Ser	
	295					300				305						
tgt	gca	gca	act	gct	ggc	att	gtg	atg	ctt	caa	cca	ctg	ctg	tac	cgt	1075
Cys	Ala	Ala	Thr	Ala	Gly	Ile	Val	Met	Leu	Gln	Pro	Leu	Leu	Tyr	Arg	
310					315					320					325	
gcc	atc	ggc	cca	cca	ctg	gcg	gtg	tgg	aaa	gta	cca	gac	atc	gtg	gtg	1123
Ala	Ile	Gly	Pro	Pro	Leu	Ala	Val	Trp	Lys	Val	Pro	Asp	Ile	Val	Val	
			330					335						340		
cgc	gct	ttc	gcg	gtg	tcc	att	gcc	gct	gat	ctg	gtg	acc	atc	cgc	att	1171
Arg	Ala	Phe	Ala	Val	Ser	Ile	Ala	Ala	Asp	Leu	Val	Thr	Ile	Pro	Ile	
		345					350					355				
atc	gct	ctg	atg	gct	cgc	caa	ata	tcc	ctc	gtg	gca	gtg	ctg	gcc	aac	1219
Ile	Ala	Leu	Met	Ala	Arg	Gln	Ile	Ser	Leu	Val	Ala	Val	Leu	Ala	Asn	
		360				365					370					
gtg	ttg	gtt	gaa	tta	gct	gtt	cca	ccc	atc	acg	ttg	ctt	ggg	ttg	att	1267
Val	Leu	Val	Glu	Leu	Ala	Val	Pro	Pro	Ile	Thr	Leu	Leu	Gly	Leu	Ile	
	375				380					385						
gcc	gtg	ctg	gca	agc	ctt	ctt	ccc	tgg	cca	gtg	gaa	tac	cca	ctc	ttg	1315
Ala	Val	Leu	Ala	Ser	Leu	Leu	Pro	Trp	Pro	Val	Glu	Tyr	Pro	Leu	Leu	
390					395					400					405	
aaa	atc	att	gag	ccc	ttc	acc	tgg	tgg	att	cat	cac	gtg	gcc	aag	tgg	1363
Lys	Ile	Ile	Glu	Pro	Phe	Thr	Trp	Trp	Ile	His	His	Val	Ala	Lys	Trp	
			410					415					420			
tgc	caa	caa	tta	ccc	aat	tcg	acg	ctg	gaa	ata	agt	gct	ggc	tgg	gca	1411
Cys	Gln	Gln	Leu	Pro	Asn	Ser	Thr	Leu	Glu	Ile	Ser	Ala	Gly	Trp	Ala	
		425						430				435				
ggg	att	gcc	tgg	gcg	tgt	atg	gca	gcg	gtg	tgg	gtg	gtg	gtg	att	atc	1459
Gly	Ile	Ala	Trp	Ala	Cys	Met	Ala	Ala	Val	Trp	Val	Val	Val	Ile	Ile	
		440				445					450					
tac	aaa	gga	tat	gtg	cgc	acc	ctt	gca	gtg	tgt	tgt	gtc	tgc	ttc	ttt	1507
Tyr	Lys	Gly	Tyr	Val	Arg	Thr	Leu	Ala	Val	Cys	Cys	Val	Cys	Phe	Phe	
	455				460					465						
ctt	ttc	ggc	gcg	tgg	aat	aac	aga	ctg	cca	gcc	caa	ata	gat	ccg	aca	1555
Leu	Phe	Gly	Ala	Trp	Asn	Asn	Arg	Leu	Pro	Ala	Gln	Ile	Asp	Pro	Thr	
470					475					480					485	
gag	ctg	cgg	ttt	gtc	atc	atc	gcc	gat	gat	tct	gag	ctc	act	gat	gtg	1603
Glu	Leu	Arg	Phe	Val	Ile	Ile	Ala	Asp	Asp	Ser	Glu	Leu	Thr	Asp	Val	
			490				495						500			
ccc	gaa	cat	gca	gaa	ttg	atc	atc	gtg	gaa	gac	ccc	cac	ggc	agc	atg	1651

Pro Glu His Ala Glu Leu Ile Ile Val Glu Asp Pro His Gly Ser Met
 505 510 515

tcc gat cgc ccc atc gtc acc aga gaa gga atc cct gtg ctg tat cca 1699
 Ser Asp Arg Pro Ile Val Thr Arg Glu Gly Ile Pro Val Leu Tyr Pro
 520 525 530

tac cgc gat ggg gag gtc agc ctt cat att gat ggc acc cag cat gca 1747
 Tyr Arg Asp Gly Glu Val Ser Leu His Ile Asp Gly Thr Gln His Ala
 535 540 545

gcg gac ggg aga ttt taacgacact tgtggcacga tggtcacgtg 1792
 Ala Asp Gly Arg Phe
 550

<210> 62

<211> 554

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 62

Met Ile Glu Val Arg Leu Val Pro Val Ala Ala Val Met Trp Met Ala
 1 5 10 15

Val Ala Ala Leu Ile Ile Ser Gly Ser Trp Val Leu Ser Val Gly Ile
 20 25 30

Val Gly Ile Ala Ile Ile Ala Ala Cys Val Phe Lys His Trp Gly Gln
 35 40 45

Ala Val Val Ile Ala Ala Leu Gly Val Gly Ala Val Val Met Ala Ala
 50 55 60

Leu Arg Ile Ser Ser Ala Lys Ala Phe Glu Ala Pro Gln Thr Trp Val
 65 70 75 80

Gly Thr Ala Glu Thr Ile Lys Phe Leu Asp Ser Gly Asp Gln Leu Ile
 85 90 95

Gly Leu Arg Val Glu Gly Tyr Pro Ala Pro Ile Pro Val Phe Tyr Ser
 100 105 110

Gly Ser Asp Thr Ile Glu Lys Ala Ser Leu Ile Ala Val Ser Gly Arg
 115 120 125

Ile Lys Pro Asp Ser Phe Pro Gly Val Gly Asp Leu Thr Ile Ser Thr
 130 135 140

Glu Asp Ile Asp Gln Leu Glu Pro Thr Thr Gly Tyr Ser Ala Trp Val
 145 150 155 160

Asn Gln Val Arg Asp Gly Phe Ser Gln Ala Val Glu Glu Thr Val Gly
 165 170 175

Glu Ser Ser Arg Gly Leu Ile Pro Gly Met Val Leu Gly Asp Thr Arg
 180 185 190

Leu Gln Gly Ser Ile Glu Ala Gln Thr Tyr Ile Asp Thr Gly Leu Ser
 195 200 205

His Leu Ser Ala Val Ser Gly Ser Asn Val Ala Ile Val Val Ser Ser
 210 215 220

Val Val Val Leu Ser Tyr Phe Leu Thr Ala Gly Pro Arg Ile Arg Val
 225 230 235 240
 Val Ala Ser Leu Leu Ser Leu Val Ile Phe Val Ser Leu Val Gly Phe
 245 250 255
 Glu Pro Ser Val Leu Arg Ala Ser Val Thr Gly Ile Val Gly Leu Leu
 260 265 270
 Ala Ile Ile Asn Ser Ser Arg Met Glu Pro Met His Gly Leu Ser Leu
 275 280 285
 Ser Val Ile Cys Leu Leu Phe Tyr Asp Ser Asn Leu Ala Val His Tyr
 290 295 300
 Gly Phe Leu Leu Ser Cys Ala Ala Thr Ala Gly Ile Val Met Leu Gln
 305 310 315 320
 Pro Leu Leu Tyr Arg Ala Ile Gly Pro Pro Leu Ala Val Trp Lys Val
 325 330 335
 Pro Asp Ile Val Val Arg Ala Phe Ala Val Ser Ile Ala Ala Asp Leu
 340 345 350
 Val Thr Ile Pro Ile Ile Ala Leu Met Ala Arg Gln Ile Ser Leu Val
 355 360 365
 Ala Val Leu Ala Asn Val Leu Val Glu Leu Ala Val Pro Pro Ile Thr
 370 375 380
 Leu Leu Gly Leu Ile Ala Val Leu Ala Ser Leu Leu Pro Trp Pro Val
 385 390 395 400
 Glu Tyr Pro Leu Leu Lys Ile Ile Glu Pro Phe Thr Trp Trp Ile His
 405 410 415
 His Val Ala Lys Trp Cys Gln Gln Leu Pro Asn Ser Thr Leu Glu Ile
 420 425 430
 Ser Ala Gly Trp Ala Gly Ile Ala Trp Ala Cys Met Ala Ala Val Trp
 435 440 445
 Val Val Val Ile Ile Tyr Lys Gly Tyr Val Arg Thr Leu Ala Val Cys
 450 455 460
 Cys Val Cys Phe Phe Leu Phe Gly Ala Trp Asn Asn Arg Leu Pro Ala
 465 470 475 480
 Gln Ile Asp Pro Thr Glu Leu Arg Phe Val Ile Ile Ala Asp Asp Ser
 485 490 495
 Glu Leu Thr Asp Val Pro Glu His Ala Glu Leu Ile Ile Val Glu Asp
 500 505 510
 Pro His Gly Ser Met Ser Asp Arg Pro Ile Val Thr Arg Glu Gly Ile
 515 520 525
 Pro Val Leu Tyr Pro Tyr Arg Asp Gly Glu Val Ser Leu His Ile Asp
 530 535 540
 Gly Thr Gln His Ala Ala Asp Gly Arg Phe
 545 550

aag cac gat att gat gtt gtg gtt gac cgt ctg cag gta aaa gcc agc	739
Lys His Asp Ile Asp Val Val Val Asp Arg Leu Gln Val Lys Ala Ser	
200 205 210	
caa aag cag cgc ctg aca gac tct atg gaa acc gca ctt cgc ctg gcc	787
Gln Lys Gln Arg Leu Thr Asp Ser Met Glu Thr Ala Leu Arg Leu Ala	
215 220 225	
gat ggc gtg gct gtg ctg gag ttc gtt ggc ctg gag gaa gat gat ccg	835
Asp Gly Val Ala Val Leu Glu Phe Val Gly Leu Glu Glu Asp Asp Pro	
230 235 240 245	
aat agg ctt cgt cga ttc tct gaa aag atg agc tgc cct aac ggt cac	883
Asn Arg Leu Arg Arg Phe Ser Glu Lys Met Ser Cys Pro Asn Gly His	
250 255 260	
gcg ttg acg gtt gat gag ctg gag cct cgt gct ttt tcc ttc aac tct	931
Ala Leu Thr Val Asp Glu Leu Glu Pro Arg Ala Phe Ser Phe Asn Ser	
265 270 275	
cct tat ggc gcg tgt cct gcc tgt gat ggc ttg ggt gtg cgc acc gaa	979
Pro Tyr Gly Ala Cys Pro Ala Cys Asp Gly Leu Gly Val Arg Thr Glu	
280 285 290	
gtt gat att gat ctg atc atc cca gat cca gat gca cct gca act aaa	1027
Val Asp Ile Asp Leu Ile Ile Pro Asp Pro Asp Ala Pro Ala Thr Lys	
295 300 305	
gcg gtt cag ccc tgg aac tcc agc cca aac cac tct tac ttt gaa aag	1075
Ala Val Gln Pro Trp Asn Ser Ser Pro Asn His Ser Tyr Phe Glu Lys	
310 315 320 325	
ctc att gaa ggc ctg gcg aaa gcc ctc gga ttt gat ccg gaa act ccg	1123
Leu Ile Glu Gly Leu Ala Lys Ala Leu Gly Phe Asp Pro Glu Thr Pro	
330 335 340	
tac agt gag ctc acc gca gct caa aag aag gct ctg gtc tat gga tcg	1171
Tyr Ser Glu Leu Thr Ala Ala Gln Lys Lys Ala Leu Val Tyr Gly Ser	
345 350 355	
aag gaa gaa gta agc gtt cga tac aag aac cgc tac gga cgc gtg cgt	1219
Lys Glu Glu Val Ser Val Arg Tyr Lys Asn Arg Tyr Gly Arg Val Arg	
360 365 370	
tct tgg act gcg cct ttt gaa ggt gtc atg ggc tac ttt gat cgc aag	1267
Ser Trp Thr Ala Pro Phe Glu Gly Val Met Gly Tyr Phe Asp Arg Lys	
375 380 385	
ttg gag cag act gat tcc gaa acc caa aaa gac cga ctg ttg ggc tac	1315
Leu Glu Gln Thr Asp Ser Glu Thr Gln Lys Asp Arg Leu Leu Gly Tyr	
390 395 400 405	
acc cgt gaa gtg ccc tgc cca acc tgt aaa ggc gca cgc ctc aag ccg	1363
Thr Arg Glu Val Pro Cys Pro Thr Cys Lys Gly Ala Arg Leu Lys Pro	
410 415 420	
gaa atc ttg gcc gtt cgc cta gac tcc gga agc cat gga gcg ttg tcc	1411
Glu Ile Leu Ala Val Arg Leu Asp Ser Gly Ser His Gly Ala Leu Ser	
425 430 435	
att gct gga cta acc gcg ctg tcg gtg cat gaa gca ttc gag ttt ttg	1459
Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Ser Val His Glu Ala Phe Glu Phe Leu	
440 445 450	

gat aac ctc aca ctg ggc aag cgc gag gaa atg atc gcg gga gct gtg	1507
Asp Asn Leu Thr Leu Gly Lys Arg Glu Glu Met Ile Ala Gly Ala Val	
455 460 465	
ctg aag gaa att cac gcc cgc ctg aaa ttc ctg ctt gac gtg ggc ctt	1555
Leu Lys Glu Ile His Ala Arg Leu Lys Phe Leu Leu Asp Val Gly Leu	
470 475 480 485	
tcc tac ctc acc ctt gat cgc gcc gca ggc acc ctg tct ggt ggt gaa	1603
Ser Tyr Leu Thr Leu Asp Arg Ala Ala Gly Thr Leu Ser Gly Gly Glu	
490 495 500	
gcg cag cgt atc cgc ctg gct act caa att ggt tcc ggt ctg gct ggt	1651
Ala Gln Arg Ile Arg Leu Ala Thr Gln Ile Gly Ser Gly Leu Ala Gly	
505 510 515	
gtg ctc tac gtc ttg gat gag cca tcc att ggt ctg cac caa cgt gac	1699
Val Leu Tyr Val Leu Asp Glu Pro Ser Ile Gly Leu His Gln Arg Asp	
520 525 530	
aac cag cgc ttg atc act acc ctt gag cat ctc cga gat atc gga aac	1747
Asn Gln Arg Leu Ile Thr Thr Leu Glu His Leu Arg Asp Ile Gly Asn	
535 540 545	
acg ctc att gtt gtg gaa cac gat gaa gac acc atc agg cgc gca gat	1795
Thr Leu Ile Val Val Glu His Asp Glu Asp Thr Ile Arg Arg Ala Asp	
550 555 560 565	
tgg ctc gtg gat att ggt cct cga gct ggt gaa ttt ggt ggc gaa gtg	1843
Trp Leu Val Asp Ile Gly Pro Arg Ala Gly Glu Phe Gly Gly Glu Val	
570 575 580	
gtc tac caa ggt gag ccg aag ggc att ttg gac tgc gaa gaa tcc ctc	1891
Val Tyr Gln Gly Glu Pro Lys Gly Ile Leu Asp Cys Glu Glu Ser Leu	
585 590 595	
aca ggt gct tac ttg tct ggt cgt cga acc ctg ggt gtt cct gat act	1939
Thr Gly Ala Tyr Leu Ser Gly Arg Arg Thr Leu Gly Val Pro Asp Thr	
600 605 610	
cgc cgt gag atc gac aaa gag cga cag ctc aag gtg gtt ggt gct agg	1987
Arg Arg Glu Ile Asp Lys Glu Arg Gln Leu Lys Val Val Gly Ala Arg	
615 620 625	
gaa aat aac ctg cag ggc atc gat gtg aaa atc cca ctg ggt gtg ctg	2035
Glu Asn Asn Leu Gln Gly Ile Asp Val Lys Ile Pro Leu Gly Val Leu	
630 635 640 645	
tgc tgc atc act ggt gtg tcg gga tct ggt aaa tcc acg ctg gtc aat	2083
Cys Cys Ile Thr Gly Val Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Val Asn	
650 655 660	
cag att ttg gcc aag gtt ctg gcc aac aaa ctc aac cgc gca cgc caa	2131
Gln Ile Leu Ala Lys Val Leu Ala Asn Lys Leu Asn Arg Ala Arg Gln	
665 670 675	
gtg cct ggt cgc gca aag cgg gtg gaa ggc ctc gag cac ttg gat aag	2179
Val Pro Gly Arg Ala Lys Arg Val Glu Gly Leu Glu His Leu Asp Lys	
680 685 690	
ttg gtc caa gtg gat cag tcg cca att ggt cgt act cca cgt tca aac	2227
Leu Val Gln Val Asp Gln Ser Pro Ile Gly Arg Thr Pro Arg Ser Asn	
695 700 705	

```

cca gcg acg tac acg ggt gtg ttt gat aaa gtc cgt aac ctt ttt gcc 2275
Pro Ala Thr Tyr Thr Gly Val Phe Asp Lys Val Arg Asn Leu Phe Ala
710 715 720 725

gag acc act gaa gcg aag gtc cgc ggt tac aag cct ggc cgc ttc tcc 2323
Glu Thr Thr Glu Ala Lys Val Arg Gly Tyr Lys Pro Gly Arg Phe Ser
730 735 740

ttc aat att aag ggt gga cgc tgc gaa gca tgt cag ggc gat ggc acg 2371
Phe Asn Ile Lys Gly Gly Arg Cys Glu Ala Cys Gln Gly Asp Gly Thr
745 750 755

ctg aag atc gaa atg aac ttc ctg ccc gac gtg tat gtt ccg tgt gaa 2419
Leu Lys Ile Glu Met Asn Phe Leu Pro Asp Val Tyr Val Pro Cys Glu
760 765 770

gtc tgt gat ggt cag cgc tac aac cgc gag acc ctc gag gtg aag tac 2467
Val Cys Asp Gly Gln Arg Tyr Asn Arg Glu Thr Leu Glu Val Lys Tyr
775 780 785

aag ggc aaa aac atc gct gaa gta ttg ggc atg ccg atc tct gag gct 2515
Lys Gly Lys Asn Ile Ala Glu Val Leu Gly Met Pro Ile Ser Glu Ala
790 795 800 805

gcg gac ttc ttt gag ccc atc acc tca att cac cga tac cta gca acg 2563
Ala Asp Phe Phe Glu Pro Ile Thr Ser Ile His Arg Tyr Leu Ala Thr
810 815 820

ctg gtt gat gtc ggc ctt ggc tat gtc cgt ttg ggc cag gca gca aca 2611
Leu Val Asp Val Gly Leu Gly Tyr Val Arg Leu Gly Gln Ala Ala Thr
825 830 835

acc ttg tct ggt ggt gaa gcc cag cgt gtg aaa ctt gcc gct gag ctg 2659
Thr Leu Ser Gly Gly Glu Ala Gln Arg Val Lys Leu Ala Ala Glu Leu
840 845 850

cag aag cgt tcc aac ggt cgc acc gtt tac atc ctc gat gag cca act 2707
Gln Lys Arg Ser Asn Gly Arg Thr Val Tyr Ile Leu Asp Glu Pro Thr
855 860 865

act ggt ttg cac ttt gaa gat att cgc aaa ctc atg atg gtg atc gaa 2755
Thr Gly Leu His Phe Glu Asp Ile Arg Lys Leu Met Met Val Ile Glu
870 875 880 885

ggc ctg gtg gac aag ggt aac tcc gtg atc atc atc gag cac aac ctc 2803
Gly Leu Val Asp Lys Gly Asn Ser Val Ile Ile Ile Glu His Asn Leu
890 895 900

gac gtg atc aag gct gcc gac tgg atc gtg gac atg ggt cca gag ggc 2851
Asp Val Ile Lys Ala Ala Asp Trp Ile Val Asp Met Gly Pro Glu Gly
905 910 915

gga agc ggc ggt gga acc gtg gtc gct gaa gga acc cca gag caa gtt 2899
Gly Ser Gly Gly Gly Thr Val Val Ala Glu Gly Thr Pro Glu Gln Val
920 925 930

gct gaa gtt gcg ggt tcc tac acc ggc caa ttc ctt aaa gag ttg ttg 2947
Ala Glu Val Ala Gly Ser Tyr Thr Gly Gln Phe Leu Lys Glu Leu Leu
935 940 945

taggagaaga tgaggggctt tcatgggaag 2977

```

<211> 949
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 64

Leu	Ala	Asp	Arg	Leu	Val	Val	Arg	Gly	Ala	Arg	Glu	His	Asn	Leu	Lys
1				5					10					15	
Gly	Val	Asp	Ile	Asp	Leu	Pro	Arg	Asp	Ser	Met	Val	Val	Phe	Thr	Gly
			20					25					30		
Leu	Ser	Gly	Ser	Gly	Lys	Ser	Ser	Leu	Ala	Phe	Asp	Thr	Ile	Phe	Ala
		35					40					45			
Glu	Gly	Gln	Arg	Arg	Tyr	Val	Glu	Ser	Leu	Ser	Ser	Tyr	Ala	Arg	Met
	50					55					60				
Phe	Leu	Gly	Gln	Met	Asp	Lys	Pro	Asp	Val	Asp	Leu	Ile	Asp	Gly	Leu
65					70					75					80
Ser	Pro	Ala	Val	Ser	Ile	Asp	Gln	Lys	Ser	Thr	Asn	Arg	Asn	Pro	Arg
				85					90					95	
Ser	Thr	Val	Gly	Thr	Ile	Thr	Glu	Val	Tyr	Asp	Tyr	Leu	Arg	Leu	Leu
			100					105					110		
Tyr	Ala	Arg	Ala	Gly	Thr	Ala	His	Cys	Pro	Val	Cys	Asp	Ala	Arg	Val
	115						120					125			
Glu	Arg	Gln	Thr	Pro	Gln	Gln	Met	Val	Asp	Gln	Ile	Leu	Gly	Met	Glu
	130					135					140				
Glu	Gly	Leu	Lys	Phe	Gln	Ile	Leu	Ala	Pro	Val	Val	Arg	Thr	Arg	Lys
145					150					155					160
Gly	Glu	Phe	Val	Asp	Leu	Phe	Ala	Asp	Leu	Ala	Ser	Gln	Gly	Tyr	Ser
			165						170					175	
Arg	Val	Arg	Val	Asp	Gly	Glu	Val	His	Gln	Leu	Ser	Asp	Pro	Pro	Lys
			180					185					190		
Leu	Glu	Lys	Gln	Ile	Lys	His	Asp	Ile	Asp	Val	Val	Val	Asp	Arg	Leu
	195						200					205			
Gln	Val	Lys	Ala	Ser	Gln	Lys	Gln	Arg	Leu	Thr	Asp	Ser	Met	Glu	Thr
	210					215					220				
Ala	Leu	Arg	Leu	Ala	Asp	Gly	Val	Ala	Val	Leu	Glu	Phe	Val	Gly	Leu
225					230					235					240
Glu	Glu	Asp	Asp	Pro	Asn	Arg	Leu	Arg	Arg	Phe	Ser	Glu	Lys	Met	Ser
			245						250					255	
Cys	Pro	Asn	Gly	His	Ala	Leu	Thr	Val	Asp	Glu	Leu	Glu	Pro	Arg	Ala
			260					265					270		
Phe	Ser	Phe	Asn	Ser	Pro	Tyr	Gly	Ala	Cys	Pro	Ala	Cys	Asp	Gly	Leu
	275						280					285			
Gly	Val	Arg	Thr	Glu	Val	Asp	Ile	Asp	Leu	Ile	Ile	Pro	Asp	Pro	Asp
	290					295					300				
Ala	Pro	Ala	Thr	Lys	Ala	Val	Gln	Pro	Trp	Asn	Ser	Ser	Pro	Asn	His

305		310		315		320
Ser Tyr Phe Glu Lys Leu Ile Glu Gly Leu Ala Lys Ala Leu Gly Phe						
	325			330		335
Asp Pro Glu Thr Pro Tyr Ser Glu Leu Thr Ala Ala Gln Lys Lys Ala						
	340			345		350
Leu Val Tyr Gly Ser Lys Glu Glu Val Ser Val Arg Tyr Lys Asn Arg						
	355			360		365
Tyr Gly Arg Val Arg Ser Trp Thr Ala Pro Phe Glu Gly Val Met Gly						
	370			375		380
Tyr Phe Asp Arg Lys Leu Glu Gln Thr Asp Ser Glu Thr Gln Lys Asp						
	385			390		400
Arg Leu Leu Gly Tyr Thr Arg Glu Val Pro Cys Pro Thr Cys Lys Gly						
	405			410		415
Ala Arg Leu Lys Pro Glu Ile Leu Ala Val Arg Leu Asp Ser Gly Ser						
	420			425		430
His Gly Ala Leu Ser Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Ser Val His Glu						
	435			440		445
Ala Phe Glu Phe Leu Asp Asn Leu Thr Leu Gly Lys Arg Glu Glu Met						
	450			455		460
Ile Ala Gly Ala Val Leu Lys Glu Ile His Ala Arg Leu Lys Phe Leu						
	465			470		475
Leu Asp Val Gly Leu Ser Tyr Leu Thr Leu Asp Arg Ala Ala Gly Thr						
	485			490		495
Leu Ser Gly Gly Glu Ala Gln Arg Ile Arg Leu Ala Thr Gln Ile Gly						
	500			505		510
Ser Gly Leu Ala Gly Val Leu Tyr Val Leu Asp Glu Pro Ser Ile Gly						
	515			520		525
Leu His Gln Arg Asp Asn Gln Arg Leu Ile Thr Thr Leu Glu His Leu						
	530			535		540
Arg Asp Ile Gly Asn Thr Leu Ile Val Val Glu His Asp Glu Asp Thr						
	545			550		555
Ile Arg Arg Ala Asp Trp Leu Val Asp Ile Gly Pro Arg Ala Gly Glu						
	565			570		575
Phe Gly Gly Glu Val Val Tyr Gln Gly Glu Pro Lys Gly Ile Leu Asp						
	580			585		590
Cys Glu Glu Ser Leu Thr Gly Ala Tyr Leu Ser Gly Arg Arg Thr Leu						
	595			600		605
Gly Val Pro Asp Thr Arg Arg Glu Ile Asp Lys Glu Arg Gln Leu Lys						
	610			615		620
Val Val Gly Ala Arg Glu Asn Asn Leu Gln Gly Ile Asp Val Lys Ile						
	625			630		635
Pro Leu Gly Val Leu Cys Cys Ile Thr Gly Val Ser Gly Ser Gly Lys						
	645			650		655

Ser Thr Leu Val Asn Gln Ile Leu Ala Lys Val Leu Ala Asn Lys Leu
 660 665 670
 Asn Arg Ala Arg Gln Val Pro Gly Arg Ala Lys Arg Val Glu Gly Leu
 675 680 685
 Glu His Leu Asp Lys Leu Val Gln Val Asp Gln Ser Pro Ile Gly Arg
 690 695 700
 Thr Pro Arg Ser Asn Pro Ala Thr Tyr Thr Gly Val Phe Asp Lys Val
 705 710 715 720
 Arg Asn Leu Phe Ala Glu Thr Thr Glu Ala Lys Val Arg Gly Tyr Lys
 725 730 735
 Pro Gly Arg Phe Ser Phe Asn Ile Lys Gly Gly Arg Cys Glu Ala Cys
 740 745 750
 Gln Gly Asp Gly Thr Leu Lys Ile Glu Met Asn Phe Leu Pro Asp Val
 755 760 765
 Tyr Val Pro Cys Glu Val Cys Asp Gly Gln Arg Tyr Asn Arg Glu Thr
 770 775 780
 Leu Glu Val Lys Tyr Lys Gly Lys Asn Ile Ala Glu Val Leu Gly Met
 785 790 795 800
 Pro Ile Ser Glu Ala Ala Asp Phe Phe Glu Pro Ile Thr Ser Ile His
 805 810 815
 Arg Tyr Leu Ala Thr Leu Val Asp Val Gly Leu Gly Tyr Val Arg Leu
 820 825 830
 Gly Gln Ala Ala Thr Thr Leu Ser Gly Gly Glu Ala Gln Arg Val Lys
 835 840 845
 Leu Ala Ala Glu Leu Gln Lys Arg Ser Asn Gly Arg Thr Val Tyr Ile
 850 855 860
 Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu His Phe Glu Asp Ile Arg Lys Leu
 865 870 875 880
 Met Met Val Ile Glu Gly Leu Val Asp Lys Gly Asn Ser Val Ile Ile
 885 890 895
 Ile Glu His Asn Leu Asp Val Ile Lys Ala Ala Asp Trp Ile Val Asp
 900 905 910
 Met Gly Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Gly Thr Val Val Ala Glu Gly
 915 920 925
 Thr Pro Glu Gln Val Ala Glu Val Ala Gly Ser Tyr Thr Gly Gln Phe
 930 935 940
 Leu Lys Glu Leu Leu
 945

<210> 65

<211> 697

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

```

<221> CDS
<222> (101)..(667)
<223> RXA02418

<400> 65
gacacgggact agtgcccgtg tataactctt gaaagtcaga tctcccgttc atcctagatg 60
atgaacggggt ttttggtctg cataggggca atcacctcaa gtg gtt cgg tac gtc 115
                               Val Val Arg Tyr Val
                               1      5

aaa ttt tcc cgc act gct aac aga gga gtc cac atc agc gct gaa gct 163
Lys Phe Ser Arg Thr Ala Asn Arg Gly Val His Ile Ser Ala Glu Ala
      10      15      20

cgc att aat gag cgc atc cga gtt ccc gaa gtc cgc ctt gtc gga cct 211
Arg Ile Asn Glu Arg Ile Arg Val Pro Glu Val Arg Leu Val Gly Pro
      25      30      35

aac ggt gag caa gta ggc atc gtc cgt atc gaa gat gcc cgc aag ctc 259
Asn Gly Glu Gln Val Gly Ile Val Arg Ile Glu Asp Ala Arg Lys Leu
      40      45      50

gca ttc gac gca gac cta gac ctg gtc gag gtc gca ccc aac gcc aaa 307
Ala Phe Asp Ala Asp Leu Asp Leu Val Glu Val Ala Pro Asn Ala Lys
      55      60      65

cct cca gtc tgc aag atc atg gac tac gga aag ttc aag tac gaa gcg 355
Pro Pro Val Cys Lys Ile Met Asp Tyr Gly Lys Phe Lys Tyr Glu Ala
      70      75      80      85

gcc caa aag gct cgt gag tca cgc aag aat cag cag cag acc gtg gtc 403
Ala Gln Lys Ala Arg Glu Ser Arg Lys Asn Gln Gln Gln Thr Val Val
      90      95      100

aaa gag caa aag ctt cgt ccc aag atc gat gat cat gat tat gag acg 451
Lys Glu Gln Lys Leu Arg Pro Lys Ile Asp Asp His Asp Tyr Glu Thr
      105      110      115

aag aag aac aat gtg atc cga ttc ctt gaa aag gga tca aag gtc aaa 499
Lys Lys Asn Asn Val Ile Arg Phe Leu Glu Lys Gly Ser Lys Val Lys
      120      125      130

gtc acg atc atg ttc cgt ggt cgt gag cag gct cgc cca gag ctt ggc 547
Val Thr Ile Met Phe Arg Gly Arg Glu Gln Ala Arg Pro Glu Leu Gly
      135      140      145

tac agg ctc ctc gag cga ctg gca aac gat gtc gta gat ttt ggc atc 595
Tyr Arg Leu Leu Glu Arg Leu Ala Asn Asp Val Val Asp Phe Gly Ile
      150      155      160      165

gtg gaa acc cgc gca aag cag gac gga cga aac atg aca atg gtt ctc 643
Val Glu Thr Arg Ala Lys Gln Asp Gly Arg Asn Met Thr Met Val Leu
      170      175      180

ggg ccg gtg cgc aag ggc aag aaa taatcaccgaa taggggtttaa ggacaacttt 697
Gly Pro Val Arg Lys Gly Lys Lys
      185

<210> 66
<211> 189
<212> PRT

```

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 66

```

Val Val Arg Tyr Val Lys Phe Ser Arg Thr Ala Asn Arg Gly Val His
  1              5              10              15

Ile Ser Ala Glu Ala Arg Ile Asn Glu Arg Ile Arg Val Pro Glu Val
      20              25              30

Arg Leu Val Gly Pro Asn Gly Glu Gln Val Gly Ile Val Arg Ile Glu
      35              40              45

Asp Ala Arg Lys Leu Ala Phe Asp Ala Asp Leu Asp Leu Val Glu Val
      50              55              60

Ala Pro Asn Ala Lys Pro Pro Val Cys Lys Ile Met Asp Tyr Gly Lys
      65              70              75              80

Phe Lys Tyr Glu Ala Ala Gln Lys Ala Arg Glu Ser Arg Lys Asn Gln
      85              90              95

Gln Gln Thr Val Val Lys Glu Gln Lys Leu Arg Pro Lys Ile Asp Asp
      100             105             110

His Asp Tyr Glu Thr Lys Lys Asn Asn Val Ile Arg Phe Leu Glu Lys
      115             120             125

Gly Ser Lys Val Lys Val Thr Ile Met Phe Arg Gly Arg Glu Gln Ala
      130             135             140

Arg Pro Glu Leu Gly Tyr Arg Leu Leu Glu Arg Leu Ala Asn Asp Val
      145             150             155             160

Val Asp Phe Gly Ile Val Glu Thr Arg Ala Lys Gln Asp Gly Arg Asn
      165             170             175

Met Thr Met Val Leu Gly Pro Val Arg Lys Gly Lys Lys
      180             185

```

<210> 67

<211> 2419

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2389)

<223> RXA02429

<400> 67

```

tcttaccac cagtgc aatg taggtcacgt cgtatcacgt ctgagggtga ttgagtaggg 60

ttaaacagat gaattcattt agctcaccgg aggtataacc gtg gcc ggt ttt gat 115
                               Val Ala Gly Phe Asp
                               1              5

tgg ttt tgg aag gcc ctt ggc ggc aaa tcg ggc aga aac caa aaa cgt 163
Trp Phe Trp Lys Ala Leu Gly Gly Lys Ser Gly Arg Asn Gln Lys Arg
      10              15              20

agc gtg gca att gtc aat cag gta gaa aac cat gca gcg gaa tta gac 211
Ser Val Ala Ile Val Asn Gln Val Glu Asn His Ala Ala Glu Leu Asp

```

25						30						35						
gcg	ctg	gat	gat	gtt	gca	ttg	gcg	cag	cgt	gcc	aag	gat	cta	gcc	agt	259		
Ala	Leu	Asp	Asp	Val	Ala	Leu	Ala	Gln	Arg	Ala	Lys	Asp	Leu	Ala	Ser			
		40				45						50						
ggt	gga	cgc	att	gac	aat	cat	gcg	gaa	ttc	ctc	gcc	att	ttg	ggt	gtg	307		
Gly	Gly	Arg	Ile	Asp	Asn	His	Ala	Glu	Phe	Leu	Ala	Ile	Leu	Gly	Val			
		55				60						65						
gca	tcg	cag	cgg	aca	ttg	ggg	ctg	aag	ccg	tat	ccg	gtg	caa	tca	cag	355		
Ala	Ser	Gln	Arg	Thr	Leu	Gly	Leu	Lys	Pro	Tyr	Pro	Val	Gln	Ser	Gln			
		70				75				80				85				
gcg	gtg	ttg	cgt	ctc	att	gaa	ggc	gat	gtg	gtg	cac	atg	gct	acc	ggt	403		
Ala	Val	Leu	Arg	Leu	Ile	Glu	Gly	Asp	Val	Val	His	Met	Ala	Thr	Gly			
				90				95						100				
gag	ggc	aag	act	ttg	gtg	ggc	gcg	atg	gcg	gcc	acc	ggt	ctg	ggg	ttg	451		
Glu	Gly	Lys	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	Met	Ala	Ala	Thr	Gly	Leu	Gly	Leu			
		105						110				115						
atg	ggc	aag	cga	gtc	cat	tcg	att	acc	gtc	aat	gat	tat	ttg	gcg	gtg	499		
Met	Gly	Lys	Arg	Val	His	Ser	Ile	Thr	Val	Asn	Asp	Tyr	Leu	Ala	Val			
		120				125						130						
cgc	gat	gcc	gaa	tgg	atg	cgg	cca	ttg	gtc	gaa	ttt	ttc	ggt	ctg	agc	547		
Arg	Asp	Ala	Glu	Trp	Met	Arg	Pro	Leu	Val	Glu	Phe	Phe	Gly	Leu	Ser			
		135				140						145						
gtg	gcg	agc	atc	agc	gag	aag	atg	gat	gca	ggg	gag	cgt	cga	caa	gca	595		
Val	Ala	Ser	Ile	Ser	Glu	Lys	Met	Asp	Ala	Gly	Glu	Arg	Arg	Gln	Ala			
		150				155				160				165				
tat	aaa	gcc	gca	att	gtc	tac	gga	cct	gtc	aat	gaa	atc	ggc	ttt	gac	643		
Tyr	Lys	Ala	Ala	Ile	Val	Tyr	Gly	Pro	Val	Asn	Glu	Ile	Gly	Phe	Asp			
				170				175						180				
gtg	ctg	cgt	gat	cag	cta	att	acc	cgg	cgc	gaa	gac	gcc	gtg	cag	cat	691		
Val	Leu	Arg	Asp	Gln	Leu	Ile	Thr	Arg	Arg	Glu	Asp	Ala	Val	Gln	His			
		185						190				195						
ggc	gcc	gac	gtc	gcg	att	atc	gat	gag	gcc	gat	tcc	gtg	ctt	gtc	gac	739		
Gly	Ala	Asp	Val	Ala	Ile	Ile	Asp	Glu	Ala	Asp	Ser	Val	Leu	Val	Asp			
		200				205						210						
gag	gcc	ctg	gtg	cca	ctc	gtc	ctc	gcc	ggc	aac	cag	ccc	ggc	cat	gcg	787		
Glu	Ala	Leu	Val	Pro	Leu	Val	Leu	Ala	Gly	Asn	Gln	Pro	Gly	His	Ala			
		215				220						225						
ccg	cgc	ggc	aaa	atc	acc	gat	gtg	gtg	cgc	tcg	ttg	aaa	gaa	aac	gac	835		
Pro	Arg	Gly	Lys	Ile	Thr	Asp	Val	Val	Arg	Ser	Leu	Lys	Glu	Asn	Asp			
		230				235				240				245				
gat	tac	acc	atc	gac	gat	gat	cgt	cgc	aac	gtc	ttc	ctc	acc	gac	aag	883		
Asp	Tyr	Thr	Ile	Asp	Asp	Asp	Arg	Arg	Asn	Val	Phe	Leu	Thr	Asp	Lys			
				250				255						260				
ggt	gcc	gcc	aaa	tta	gag	cag	cag	ctg	ggc	atc	agc	agc	ctc	tac	gac	931		
Gly	Ala	Ala	Lys	Leu	Glu	Gln	Gln	Leu	Gly	Ile	Ser	Ser	Leu	Tyr	Asp			
		265						270				275						
gat	gag	cac	gtc	ggc	tcg	acg	ctc	gtg	cag	gtc	aac	ctc	gcc	ctc	cac	979		

Asp	Glu	His	Val	Gly	Ser	Thr	Leu	Val	Gln	Val	Asn	Leu	Ala	Leu	His	
		280					285					290				
gcg	cag	gca	ctg	ctc	atc	cgc	gac	atc	cac	tac	atc	gtc	cgc	gac	agc	1027
Ala	Gln	Ala	Leu	Leu	Ile	Arg	Asp	Ile	His	Tyr	Ile	Val	Arg	Asp	Ser	
	295					300					305					
aag	gtc	ttg	ctt	atc	gac	gcc	tcc	cgc	ggc	cgt	gtc	gcc	gac	ctg	cag	1075
Lys	Val	Leu	Leu	Ile	Asp	Ala	Ser	Arg	Gly	Arg	Val	Ala	Asp	Leu	Gln	
310					315					320					325	
cgc	tgg	ccc	gac	ggc	ctg	caa	gca	gca	gtg	gag	gcc	aag	gaa	ggg	ctc	1123
Arg	Trp	Pro	Asp	Gly	Leu	Gln	Ala	Ala	Val	Glu	Ala	Lys	Glu	Gly	Leu	
				330					335					340		
gcg	gtt	tct	gaa	ggc	ggc	aag	atc	ctt	gac	acc	atc	aca	ctt	cag	gcg	1171
Ala	Val	Ser	Glu	Gly	Gly	Lys	Ile	Leu	Asp	Thr	Ile	Thr	Leu	Gln	Ala	
			345				350						355			
ttg	att	ggg	cgc	tac	cca	atg	gca	tgc	ggc	atg	aca	ggg	acc	gcc	gtg	1219
Leu	Ile	Gly	Arg	Tyr	Pro	Met	Ala	Cys	Gly	Met	Thr	Gly	Thr	Ala	Val	
		360					365					370				
gag	gca	acc	gat	cag	cta	cgc	acc	ttc	tat	gac	ttg	cat	gtt	tct	gtc	1267
Glu	Ala	Thr	Asp	Gln	Leu	Arg	Thr	Phe	Tyr	Asp	Leu	His	Val	Ser	Val	
	375					380					385					
att	gag	cgc	aat	cat	ccg	ctg	aag	cgc	ttt	gat	gaa	gct	gac	cgt	atc	1315
Ile	Glu	Arg	Asn	His	Pro	Leu	Lys	Arg	Phe	Asp	Glu	Ala	Asp	Arg	Ile	
390					395				400						405	
tac	gcc	acc	atg	gcg	gag	aaa	aac	cgc	gcc	atc	atc	gat	gaa	atc	gca	1363
Tyr	Ala	Thr	Met	Ala	Glu	Lys	Asn	Arg	Ala	Ile	Ile	Asp	Glu	Ile	Ala	
				410				415						420		
ctc	ctt	cac	agc	acg	ggg	cag	cca	gtc	ctg	gtg	ggg	acc	cac	gat	gtg	1411
Leu	Leu	His	Ser	Thr	Gly	Gln	Pro	Val	Leu	Val	Gly	Thr	His	Asp	Val	
			425				430						435			
gca	gag	tcg	gaa	gaa	ctc	gcc	act	gca	ctg	cgt	gaa	ctc	aac	atc	gaa	1459
Ala	Glu	Ser	Glu	Glu	Leu	Ala	Thr	Ala	Leu	Arg	Glu	Leu	Asn	Ile	Glu	
		440				445					450					
gta	agc	gtt	ctc	aac	gcc	aag	aat	gat	gcc	gaa	gaa	gcc	cag	atc	atc	1507
Val	Ser	Val	Leu	Asn	Ala	Lys	Asn	Asp	Ala	Glu	Glu	Ala	Gln	Ile	Ile	
		455				460					465					
gca	gag	gct	ggc	gat	att	gga	cga	gtg	acc	gtt	tcc	act	cag	atg	gcc	1555
Ala	Glu	Ala	Gly	Asp	Ile	Gly	Arg	Val	Thr	Val	Ser	Thr	Gln	Met	Ala	
470					475					480					485	
ggc	cgc	ggg	acc	gat	att	cgc	ctc	ggg	ggc	gcc	gat	gaa	gcc	gac	tac	1603
Gly	Arg	Gly	Thr	Asp	Ile	Arg	Leu	Gly	Gly	Ala	Asp	Glu	Ala	Asp	Tyr	
				490				495						500		
gat	gaa	gtg	gtg	aaa	ctc	ggg	gga	ctc	gcc	gtt	atc	ggc	acc	gcc	cgc	1651
Asp	Glu	Val	Val	Lys	Leu	Gly	Gly	Leu	Ala	Val	Ile	Gly	Thr	Ala	Arg	
			505				510						515			
cac	cgt	tct	cag	cgc	ctg	gac	aac	cag	ctg	cgc	gga	cgt	gcg	gga	cga	1699
His	Arg	Ser	Gln	Arg	Leu	Asp	Asn	Gln	Leu	Arg	Gly	Arg	Ala	Gly	Arg	
		520					525					530				
caa	gga	gat	cca	ggc	ctg	agc	ctt	ttc	ttt	gtc	tcc	ctc	gat	gat	gat	1747

Gln	Gly	Asp	Pro	Gly	Leu	Ser	Leu	Phe	Phe	Val	Ser	Leu	Asp	Asp	Asp		
535						540					545						
gtg	gtg	gtc	tca	ggc	ggg	tca	agg	gag	agc	gtg	agc	gcg	caa	ccc	gat	1795	
Val	Val	Val	Ser	Gly	Gly	Ser	Arg	Glu	Ser	Val	Ser	Ala	Gln	Pro	Asp		
550					555					560					565		
gcc	acc	ggg	ctg	att	gac	tca	gat	cgc	atc	cgc	gat	tgg	gtc	gga	cac	1843	
Ala	Thr	Gly	Leu	Ile	Asp	Ser	Asp	Arg	Ile	Arg	Asp	Trp	Val	Gly	His		
				570					575					580			
tgc	cag	cgc	gtc	acc	gaa	gga	cag	ctg	ctg	gaa	atc	cac	tcc	cag	agc	1891	
Cys	Gln	Arg	Val	Thr	Glu	Gly	Gln	Leu	Leu	Glu	Ile	His	Ser	Gln	Ser		
			585					590					595				
tgg	aat	tac	aac	aag	ctc	ctt	gcc	gat	caa	cgc	gtg	atc	att	gac	gag	1939	
Trp	Asn	Tyr	Asn	Lys	Leu	Leu	Ala	Asp	Gln	Arg	Val	Ile	Ile	Asp	Glu		
	600						605					610					
cgc	cgc	gaa	cgc	ctc	ctc	gac	acc	gcc	tta	gcg	tgg	gag	gaa	ctg	gca	1987	
Arg	Arg	Glu	Arg	Leu	Leu	Asp	Thr	Ala	Leu	Ala	Trp	Glu	Glu	Leu	Ala		
	615					620					625						
cag	cat	gca	cca	gcg	cgg	gct	gca	gag	ctt	gaa	gac	ctt	gat	cag	tcc	2035	
Gln	His	Ala	Pro	Ala	Arg	Ala	Ala	Glu	Leu	Glu	Asp	Leu	Asp	Gln	Ser		
630					635					640					645		
gtg	agg	gaa	cag	gca	gca	cga	gac	atc	atg	ctg	tac	cac	ctc	gat	tac	2083	
Val	Arg	Glu	Gln	Ala	Ala	Arg	Asp	Ile	Met	Leu	Tyr	His	Leu	Asp	Tyr		
				650					655					660			
aac	tgg	tca	gag	cac	ctc	gcg	ttg	atg	gat	gat	gtc	cgc	gaa	tcc	att	2131	
Asn	Trp	Ser	Glu	His	Leu	Ala	Leu	Met	Asp	Asp	Val	Arg	Glu	Ser	Ile		
		665					670						675				
cac	ctg	cgc	gcc	atc	gcc	agg	gaa	acc	ccc	ctt	gat	gaa	tac	cac	cgc	2179	
His	Leu	Arg	Ala	Ile	Ala	Arg	Glu	Thr	Pro	Leu	Asp	Glu	Tyr	His	Arg		
		680				685						690					
atc	gct	gtg	cgt	gaa	ttc	aag	gat	ttg	gca	caa	cgc	gct	gtc	gat	gat	2227	
Ile	Ala	Val	Arg	Glu	Phe	Lys	Asp	Leu	Ala	Gln	Arg	Ala	Val	Asp	Asp		
	695					700					705						
gcg	gtg	tcc	acg	ttc	aag	tct	gtg	acc	atc	gat	cac	gag	ggg	gcc	cat	2275	
Ala	Val	Ser	Thr	Phe	Lys	Ser	Val	Thr	Ile	Asp	His	Glu	Gly	Ala	His		
710					715					720					725		
ttg	gat	gat	gag	ggc	ttg	gcg	cgt	cca	tca	gca	acg	tgg	acc	tac	atg	2323	
Leu	Asp	Asp	Glu	Gly	Leu	Ala	Arg	Pro	Ser	Ala	Thr	Trp	Thr	Tyr	Met		
				730				735						740			
gtc	tct	gac	aac	cca	ctt	gcg	ggg	agt	ggg	aac	tca	gtg	atc	agt	ggc	2371	
Val	Ser	Asp	Asn	Pro	Leu	Ala	Gly	Ser	Gly	Asn	Ser	Val	Ile	Ser	Gly		
		745					750						755				
ata	gga	aat	atc	ttt	aga	taacctgaga	actatgaaat	tccagctcac								2419	
Ile	Gly	Asn	Ile	Phe	Arg												
		760															

<210> 68

<211> 763

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 68

Val	Ala	Gly	Phe	Asp	Trp	Phe	Trp	Lys	Ala	Leu	Gly	Gly	Lys	Ser	Gly	1		5		10		15
Arg	Asn	Gln	Lys	Arg	Ser	Val	Ala	Ile	Val	Asn	Gln	Val	Glu	Asn	His	20		25		30		
Ala	Ala	Glu	Leu	Asp	Ala	Leu	Asp	Asp	Val	Ala	Leu	Ala	Gln	Arg	Ala	35		40		45		
Lys	Asp	Leu	Ala	Ser	Gly	Gly	Arg	Ile	Asp	Asn	His	Ala	Glu	Phe	Leu	50		55		60		
Ala	Ile	Leu	Gly	Val	Ala	Ser	Gln	Arg	Thr	Leu	Gly	Leu	Lys	Pro	Tyr	65		70		75		
Pro	Val	Gln	Ser	Gln	Ala	Val	Leu	Arg	Leu	Ile	Glu	Gly	Asp	Val	Val	85		90		95		
His	Met	Ala	Thr	Gly	Glu	Gly	Lys	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	Met	Ala	Ala	100		105		110		
Thr	Gly	Leu	Gly	Leu	Met	Gly	Lys	Arg	Val	His	Ser	Ile	Thr	Val	Asn	115		120		125		
Asp	Tyr	Leu	Ala	Val	Arg	Asp	Ala	Glu	Trp	Met	Arg	Pro	Leu	Val	Glu	130		135		140		
Phe	Phe	Gly	Leu	Ser	Val	Ala	Ser	Ile	Ser	Glu	Lys	Met	Asp	Ala	Gly	145		150		155		
Glu	Arg	Arg	Gln	Ala	Tyr	Lys	Ala	Ala	Ile	Val	Tyr	Gly	Pro	Val	Asn	165		170		175		
Glu	Ile	Gly	Phe	Asp	Val	Leu	Arg	Asp	Gln	Leu	Ile	Thr	Arg	Arg	Glu	180		185		190		
Asp	Ala	Val	Gln	His	Gly	Ala	Asp	Val	Ala	Ile	Ile	Asp	Glu	Ala	Asp	195		200		205		
Ser	Val	Leu	Val	Asp	Glu	Ala	Leu	Val	Pro	Leu	Val	Leu	Ala	Gly	Asn	210		215		220		
Gln	Pro	Gly	His	Ala	Pro	Arg	Gly	Lys	Ile	Thr	Asp	Val	Val	Arg	Ser	225		230		235		
Leu	Lys	Glu	Asn	Asp	Asp	Tyr	Thr	Ile	Asp	Asp	Asp	Arg	Arg	Asn	Val	245		250		255		
Phe	Leu	Thr	Asp	Lys	Gly	Ala	Ala	Lys	Leu	Glu	Gln	Gln	Leu	Gly	Ile	260		265		270		
Ser	Ser	Leu	Tyr	Asp	Asp	Glu	His	Val	Gly	Ser	Thr	Leu	Val	Gln	Val	275		280		285		
Asn	Leu	Ala	Leu	His	Ala	Gln	Ala	Leu	Leu	Ile	Arg	Asp	Ile	His	Tyr	290		295		300		
Ile	Val	Arg	Asp	Ser	Lys	Val	Leu	Leu	Ile	Asp	Ala	Ser	Arg	Gly	Arg	305		310		315		
Val	Ala	Asp	Leu	Gln	Arg	Trp	Pro	Asp	Gly	Leu	Gln	Ala	Ala	Val	Glu							

325	330	335
Ala Lys Glu Gly Leu Ala Val Ser Glu Gly Gly Lys Ile Leu Asp Thr		
340	345	350
Ile Thr Leu Gln Ala Leu Ile Gly Arg Tyr Pro Met Ala Cys Gly Met		
355	360	365
Thr Gly Thr Ala Val Glu Ala Thr Asp Gln Leu Arg Thr Phe Tyr Asp		
370	375	380
Leu His Val Ser Val Ile Glu Arg Asn His Pro Leu Lys Arg Phe Asp		
385	390	400
Glu Ala Asp Arg Ile Tyr Ala Thr Met Ala Glu Lys Asn Arg Ala Ile		
405	410	415
Ile Asp Glu Ile Ala Leu Leu His Ser Thr Gly Gln Pro Val Leu Val		
420	425	430
Gly Thr His Asp Val Ala Glu Ser Glu Glu Leu Ala Thr Ala Leu Arg		
435	440	445
Glu Leu Asn Ile Glu Val Ser Val Leu Asn Ala Lys Asn Asp Ala Glu		
450	455	460
Glu Ala Gln Ile Ile Ala Glu Ala Gly Asp Ile Gly Arg Val Thr Val		
465	470	475
Ser Thr Gln Met Ala Gly Arg Gly Thr Asp Ile Arg Leu Gly Gly Ala		
485	490	495
Asp Glu Ala Asp Tyr Asp Glu Val Val Lys Leu Gly Gly Leu Ala Val		
500	505	510
Ile Gly Thr Ala Arg His Arg Ser Gln Arg Leu Asp Asn Gln Leu Arg		
515	520	525
Gly Arg Ala Gly Arg Gln Gly Asp Pro Gly Leu Ser Leu Phe Phe Val		
530	535	540
Ser Leu Asp Asp Asp Val Val Val Ser Gly Gly Ser Arg Glu Ser Val		
545	550	555
Ser Ala Gln Pro Asp Ala Thr Gly Leu Ile Asp Ser Asp Arg Ile Arg		
565	570	575
Asp Trp Val Gly His Cys Gln Arg Val Thr Glu Gly Gln Leu Leu Glu		
580	585	590
Ile His Ser Gln Ser Trp Asn Tyr Asn Lys Leu Leu Ala Asp Gln Arg		
595	600	605
Val Ile Ile Asp Glu Arg Arg Glu Arg Leu Leu Asp Thr Ala Leu Ala		
610	615	620
Trp Glu Glu Leu Ala Gln His Ala Pro Ala Arg Ala Ala Glu Leu Glu		
625	630	635
Asp Leu Asp Gln Ser Val Arg Glu Gln Ala Ala Arg Asp Ile Met Leu		
645	650	655
Tyr His Leu Asp Tyr Asn Trp Ser Glu His Leu Ala Leu Met Asp Asp		
660	665	670

Val Arg Glu Ser Ile His Leu Arg Ala Ile Ala Arg Glu Thr Pro Leu
675 680 685

Asp Glu Tyr His Arg Ile Ala Val Arg Glu Phe Lys Asp Leu Ala Gln
690 695 700

Arg Ala Val Asp Asp Ala Val Ser Thr Phe Lys Ser Val Thr Ile Asp
705 710 715 720

His Glu Gly Ala His Leu Asp Asp Glu Gly Leu Ala Arg Pro Ser Ala
725 730 735

Thr Trp Thr Tyr Met Val Ser Asp Asn Pro Leu Ala Gly Ser Gly Asn
740 745 750

Ser Val Ile Ser Gly Ile Gly Asn Ile Phe Arg
755 760

<210> 69

<211> 1582

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1552)

<223> RXA02431

<400> 69

ggtagctgag cttgtcggca ttgtgctggt tgtcatcgca gttgctttgc gacgcccctc 60

ctagcgggttt cccacaccgc cagtcttctc aaactaatcg ttg acc tgt tcg att 115
Leu Thr Cys Ser Ile
1 5

aac cta att ttc ggc tgg tca act acc ata aaa agc atg caa cgc tgg 163
Asn Leu Ile Phe Gly Trp Ser Thr Thr Ile Lys Ser Met Gln Arg Trp
10 15 20

gtg ctt cac atc gat atg gat gcc ttc ttc gca tcc tgc gaa caa ctg 211
Val Leu His Ile Asp Met Asp Ala Phe Phe Ala Ser Cys Glu Gln Leu
25 30 35

acc cgg ccc act tta aga ggc cgc ccc gtc ttg gtc ggt gga gtc tcc 259
Thr Arg Pro Thr Leu Arg Gly Arg Pro Val Leu Val Gly Gly Val Ser
40 45 50

ggt agg gga gtt gtc gcc gga gca tcc tat gaa gcc aga aaa ttt ggc 307
Gly Arg Gly Val Val Ala Gly Ala Ser Tyr Glu Ala Arg Lys Phe Gly
55 60 65

gcc cgc tca gcg atg ccc atg cac caa gcc aaa gcc cga gta ggt ttt 355
Ala Arg Ser Ala Met Pro Met His Gln Ala Lys Ala Arg Val Gly Phe
70 75 80 85

ggg gca gtg gtg gtg aca ccc cgt cat atc gtt tac tcc gca gcc tcg 403
Gly Ala Val Val Val Thr Pro Arg His Ile Val Tyr Ser Ala Ala Ser
90 95 100

cgc cgg gtg ttc caa atc gtg gaa aaa cgc gcc gga att gtc gaa cgc 451
Arg Arg Val Phe Gln Ile Val Glu Lys Arg Ala Gly Ile Val Glu Arg
105 110 115

ctc agc atc gat gaa ggc ttc atg gaa cca gag gct ctc gtt gga gcc	499
Leu Ser Ile Asp Glu Gly Phe Met Glu Pro Glu Ala Leu Val Gly Ala	
120 125 130	
acc cca gaa gag gtg aaa cag tgg gcg gaa gaa tta cgc gcg gaa att	547
Thr Pro Glu Glu Val Lys Gln Trp Ala Glu Glu Leu Arg Ala Glu Ile	
135 140 145	
aaa gaa gtt act ggc tta ccc tcc tcg gtt ggt gct ggc tcc ggt aag	595
Lys Glu Val Thr Gly Leu Pro Ser Ser Val Gly Ala Gly Ser Gly Lys	
150 155 160 165	
cag atc gcc aaa att ggt tca ggc gaa gca aag cca gat ggt gtg ttt	643
Gln Ile Ala Lys Ile Gly Ser Gly Glu Ala Lys Pro Asp Gly Val Phe	
170 175 180	
gtc gtg cca gta gac aag caa cat gac ttg ctt gat cca ctt cct gtg	691
Val Val Pro Val Asp Lys Gln His Asp Leu Leu Asp Pro Leu Pro Val	
185 190 195	
ggc gca ctt tgg gga gtg ggt cct gtg aca ggc tcc aag ctt gcc tca	739
Gly Ala Leu Trp Gly Val Gly Pro Val Thr Gly Ser Lys Leu Ala Ser	
200 205 210	
atg ggg gtg gaa aca att ggt gat cta gca gcg cta acc caa aaa gaa	787
Met Gly Val Glu Thr Ile Gly Asp Leu Ala Ala Leu Thr Gln Lys Glu	
215 220 225	
gta gaa atc agc ctc ggt gca acc atc gga ata tca ctg tgg aac ctt	835
Val Glu Ile Ser Leu Gly Ala Thr Ile Gly Ile Ser Leu Trp Asn Leu	
230 235 240 245	
gcc cga gga atc gac gac cgc cct gtg gaa ccc cgc gcc gaa gca aaa	883
Ala Arg Gly Ile Asp Asp Arg Pro Val Glu Pro Arg Ala Glu Ala Lys	
250 255 260	
cag atc tcc caa gag cac acc tat gaa aaa gac ctc ctc acc agg caa	931
Gln Ile Ser Gln Glu His Thr Tyr Glu Lys Asp Leu Leu Thr Arg Gln	
265 270 275	
caa gta gat gct gcc atc att cga tca gcc gaa ggc gca cac cga cgg	979
Gln Val Asp Ala Ala Ile Ile Arg Ser Ala Glu Gly Ala His Arg Arg	
280 285 290	
ctc ctc aaa gac gga cgc ggt gcc aga act gtc agc gtg aaa ctg cgg	1027
Leu Leu Lys Asp Gly Arg Gly Ala Arg Thr Val Ser Val Lys Leu Arg	
295 300 305	
atg gcc gac ttt cgt att gag tct cgt tcc tac acc ttg tcc tat gcc	1075
Met Ala Asp Phe Arg Ile Glu Ser Arg Ser Tyr Thr Leu Ser Tyr Ala	
310 315 320 325	
acc gat gat tac gca act ctt gag gca aca gca ttc cga ctt gcc cgc	1123
Thr Asp Asp Tyr Ala Thr Leu Glu Ala Thr Ala Phe Arg Leu Ala Arg	
330 335 340	
tac ccc gga gaa gta ggc ccc atc cgc ctt gtc gga gta agt ttt tct	1171
Tyr Pro Gly Glu Val Gly Pro Ile Arg Leu Val Gly Val Ser Phe Ser	
345 350 355	
ggt ttg gaa gaa tcc cgc caa gac atc ctc ttc ccg gaa ctt gac caa	1219
Gly Leu Glu Glu Ser Arg Gln Asp Ile Leu Phe Pro Glu Leu Asp Gln	
360 365 370	

```

caa atc atc gta cca cca gca ccc gac acc gat tat gag gta ggc gtg 1267
Gln Ile Ile Val Pro Pro Ala Pro Asp Thr Asp Tyr Glu Val Gly Val
375 380 385

caa tcc tct tct agt tcc gaa agt act caa gtt gaa gcg ccg caa gat 1315
Gln Ser Ser Ser Ser Ser Glu Ser Thr Gln Val Glu Ala Pro Gln Asp
390 395 400 405

gtc gcg ttg agt atg tgg tgc gca acg caa gat gtc tac cac cca gaa 1363
Val Ala Leu Ser Met Trp Cys Ala Thr Gln Asp Val Tyr His Pro Glu
410 415 420

tat ggc cac ggt tgg gta caa ggt gcc ggt cac ggt gtt gta tca gta 1411
Tyr Gly His Gly Trp Val Gln Gly Ala Gly His Gly Val Val Ser Val
425 430 435

cgt ttt gaa acc cgc agc acc aca aaa ggg cga act aaa agt ttt tcc 1459
Arg Phe Glu Thr Arg Ser Thr Thr Lys Gly Arg Thr Lys Ser Phe Ser
440 445 450

atg gat gac ccg gac ctc acc ccg gca gac cct cta gat agt ttg gat 1507
Met Asp Asp Pro Asp Leu Thr Pro Ala Asp Pro Leu Asp Ser Leu Asp
455 460 465

tgg gct gac tgg ttt gct gaa aat ggt gaa acg ggg gat gac gaa 1552
Trp Ala Asp Trp Phe Ala Glu Asn Gly Glu Thr Gly Asp Asp Glu
470 475 480

tagggtttca tcgggtttcg ggggtgctttt 1582

```

<210> 70

<211> 484

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 70

```

Leu Thr Cys Ser Ile Asn Leu Ile Phe Gly Trp Ser Thr Thr Ile Lys
1 5 10 15

Ser Met Gln Arg Trp Val Leu His Ile Asp Met Asp Ala Phe Phe Ala
20 25 30

Ser Cys Glu Gln Leu Thr Arg Pro Thr Leu Arg Gly Arg Pro Val Leu
35 40 45

Val Gly Gly Val Ser Gly Arg Gly Val Val Ala Gly Ala Ser Tyr Glu
50 55 60

Ala Arg Lys Phe Gly Ala Arg Ser Ala Met Pro Met His Gln Ala Lys
65 70 75 80

Ala Arg Val Gly Phe Gly Ala Val Val Val Thr Pro Arg His Ile Val
85 90 95

Tyr Ser Ala Ala Ser Arg Arg Val Phe Gln Ile Val Glu Lys Arg Ala
100 105 110

Gly Ile Val Glu Arg Leu Ser Ile Asp Glu Gly Phe Met Glu Pro Glu
115 120 125

Ala Leu Val Gly Ala Thr Pro Glu Glu Val Lys Gln Trp Ala Glu Glu

```

130					135					140					
Leu	Arg	Ala	Glu	Ile	Lys	Glu	Val	Thr	Gly	Leu	Pro	Ser	Ser	Val	Gly
145					150					155					160
Ala	Gly	Ser	Gly	Lys	Gln	Ile	Ala	Lys	Ile	Gly	Ser	Gly	Glu	Ala	Lys
				165					170					175	
Pro	Asp	Gly	Val	Phe	Val	Val	Pro	Val	Asp	Lys	Gln	His	Asp	Leu	Leu
			180					185					190		
Asp	Pro	Leu	Pro	Val	Gly	Ala	Leu	Trp	Gly	Val	Gly	Pro	Val	Thr	Gly
		195					200					205			
Ser	Lys	Leu	Ala	Ser	Met	Gly	Val	Glu	Thr	Ile	Gly	Asp	Leu	Ala	Ala
	210					215					220				
Leu	Thr	Gln	Lys	Glu	Val	Glu	Ile	Ser	Leu	Gly	Ala	Thr	Ile	Gly	Ile
225				230						235					240
Ser	Leu	Trp	Asn	Leu	Ala	Arg	Gly	Ile	Asp	Asp	Arg	Pro	Val	Glu	Pro
			245						250					255	
Arg	Ala	Glu	Ala	Lys	Gln	Ile	Ser	Gln	Glu	His	Thr	Tyr	Glu	Lys	Asp
			260					265					270		
Leu	Leu	Thr	Arg	Gln	Gln	Val	Asp	Ala	Ala	Ile	Ile	Arg	Ser	Ala	Glu
		275					280					285			
Gly	Ala	His	Arg	Arg	Leu	Leu	Lys	Asp	Gly	Arg	Gly	Ala	Arg	Thr	Val
	290					295					300				
Ser	Val	Lys	Leu	Arg	Met	Ala	Asp	Phe	Arg	Ile	Glu	Ser	Arg	Ser	Tyr
305				310						315					320
Thr	Leu	Ser	Tyr	Ala	Thr	Asp	Asp	Tyr	Ala	Thr	Leu	Glu	Ala	Thr	Ala
			325						330					335	
Phe	Arg	Leu	Ala	Arg	Tyr	Pro	Gly	Glu	Val	Gly	Pro	Ile	Arg	Leu	Val
		340						345					350		
Gly	Val	Ser	Phe	Ser	Gly	Leu	Glu	Glu	Ser	Arg	Gln	Asp	Ile	Leu	Phe
	355					360					365				
Pro	Glu	Leu	Asp	Gln	Gln	Ile	Ile	Val	Pro	Pro	Ala	Pro	Asp	Thr	Asp
	370					375					380				
Tyr	Glu	Val	Gly	Val	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Glu	Ser	Thr	Gln	Val
385				390						395					400
Glu	Ala	Pro	Gln	Asp	Val	Ala	Leu	Ser	Met	Trp	Cys	Ala	Thr	Gln	Asp
			405						410					415	
Val	Tyr	His	Pro	Glu	Tyr	Gly	His	Gly	Trp	Val	Gln	Gly	Ala	Gly	His
		420						425					430		
Gly	Val	Val	Ser	Val	Arg	Phe	Glu	Thr	Arg	Ser	Thr	Thr	Lys	Gly	Arg
		435					440						445		
Thr	Lys	Ser	Phe	Ser	Met	Asp	Asp	Pro	Asp	Leu	Thr	Pro	Ala	Asp	Pro
	450					455					460				
Leu	Asp	Ser	Leu	Asp	Trp	Ala	Asp	Trp	Phe	Ala	Glu	Asn	Gly	Glu	Thr
465				470						475					480

Gly Asp Asp Glu

```
<210> 71
<211> 1819
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
```

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(1789)  
<223> RXA02445
```

[illegible]

170								175					180					
gcg	gcg	tca	ttt	aag	cag	cgc	cta	att	gag	tca	aat	agt	cgc	tcc	ctt	691		
Ala	Ala	Ser	Phe	Lys	Gln	Arg	Leu	Ile	Glu	Ser	Asn	Ser	Arg	Ser	Leu			
			185					190					195					
gga	aca	gac	gat	aac	tgg	tta	ctg	cgc	aaa	aat	atc	act	aca	tca	aag	739		
Gly	Thr	Asp	Asp	Asn	Trp	Leu	Leu	Arg	Lys	Asn	Ile	Thr	Thr	Ser	Lys			
			200				205					210						
gga	gaa	ctg	acg	att	gct	ggc	tta	ctg	gct	ctc	gga	agc	tat	cct	caa	787		
Gly	Glu	Leu	Thr	Ile	Ala	Gly	Leu	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Tyr	Pro	Gln			
			215			220					225							
cag	ttt	ttc	ccc	cga	gtg	atc	att	gat	gtt	gcc	gta	cat	cca	ggt	ctg	835		
Gln	Phe	Phe	Pro	Arg	Val	Ile	Ile	Asp	Val	Ala	Val	His	Pro	Gly	Leu			
230					235					240					245			
cat	aag	tca	cca	atc	ggc	acc	tca	att	cgt	ttt	gaa	gac	cga	aaa	atc	883		
His	Lys	Ser	Pro	Ile	Gly	Thr	Ser	Ile	Arg	Phe	Glu	Asp	Arg	Lys	Ile			
				250					255					260				
tgc	gag	gga	aat	ctt	ctc	gag	atg	gtt	caa	gag	gct	atg	tct	gcc	atc	931		
Cys	Glu	Gly	Asn	Leu	Leu	Glu	Met	Val	Gln	Glu	Ala	Met	Ser	Ala	Ile			
			265					270					275					
aaa	cga	aac	cta	cgt	gta	cgc	cgc	gtc	gtt	gaa	gga	ctc	tca	ggt	aaa	979		
Lys	Arg	Asn	Leu	Arg	Val	Arg	Arg	Val	Val	Glu	Gly	Leu	Ser	Gly	Lys			
			280				285					290						
gat	gtt	cta	gaa	atc	cca	gaa	gaa	gtt	ttg	aga	gag	gct	cta	gca	aac	1027		
Asp	Val	Leu	Glu	Ile	Pro	Glu	Glu	Val	Leu	Arg	Glu	Ala	Leu	Ala	Asn			
			295			300					305							
gcc	gta	ctt	cac	cgt	gat	tat	tct	gag	cta	gct	caa	aat	gaa	gca	att	1075		
Ala	Val	Leu	His	Arg	Asp	Tyr	Ser	Glu	Leu	Ala	Gln	Asn	Glu	Ala	Ile			
310					315					320					325			
cat	gta	gac	atc	tat	aag	gat	cga	gtt	gag	atc	acg	agt	cca	ggt	gga	1123		
His	Val	Asp	Ile	Tyr	Lys	Asp	Arg	Val	Glu	Ile	Thr	Ser	Pro	Gly	Gly			
			330						335					340				
tta	ccc	aat	ggt	aaa	cgc	cca	gag	tca	ata	ctg	gac	gga	tac	tct	gaa	1171		
Leu	Pro	Asn	Gly	Lys	Arg	Pro	Glu	Ser	Ile	Leu	Asp	Gly	Tyr	Ser	Glu			
			345					350					355					
cca	aga	aat	cgt	gtg	ctt	tca	aga	atc	cta	atg	gat	att	cca	tgg	aca	1219		
Pro	Arg	Asn	Arg	Val	Leu	Ser	Arg	Ile	Leu	Met	Asp	Ile	Pro	Trp	Thr			
			360				365					370						
cat	gaa	gta	caa	gga	gta	ctt	gct	gaa	agc	aac	ggt	act	ggc	gtt	ccc	1267		
His	Glu	Val	Gln	Gly	Val	Leu	Ala	Glu	Ser	Asn	Gly	Thr	Gly	Val	Pro			
			375			380					385							
cga	atg	ttc	aat	ttg	atg	cgt	gaa	gcg	gga	ctt	ccg	gta	ccg	aat	ttt	1315		
Arg	Met	Phe	Asn	Leu	Met	Arg	Glu	Ala	Gly	Leu	Pro	Val	Pro	Asn	Phe			
390					395					400					405			
aag	att	gat	att	tct	agc	gtc	act	gtc	gaa	ctc	agc	cgt	cac	ggt	ctt	1363		
Lys	Ile	Asp	Ile	Ser	Ser	Val	Thr	Val	Glu	Leu	Ser	Arg	His	Gly	Leu			
				410					415					420				
cta	gat	gcc	caa	aca	agt	gaa	tgg	ctt	gta	gaa	aaa	ctc	gga	tca	gat	1411		

Leu Asp Ala Gln Thr Ser Glu Trp Leu Val Glu Lys Leu Gly Ser Asp
 425 430 435
 ttt tct aac aca caa ggc att gct ctt gtt ctc gca aaa gaa ctt gga 1459
 Phe Ser Asn Thr Gln Gly Ile Ala Leu Val Leu Ala Lys Glu Leu Gly
 440 445 450
 gcg gta acg tct cga gat ctc cgc aat caa act ggt cat gat tca gaa 1507
 Ala Val Thr Ser Arg Asp Leu Arg Asn Gln Thr Gly His Asp Ser Glu
 455 460 465
 gac atg cgc agc tta ctt gac gct ttg gtt gat cgg ggc gtt cta aac 1555
 Asp Met Arg Ser Leu Leu Asp Ala Leu Val Asp Arg Gly Val Leu Asn
 470 475 480 485
 caa aac tta cag aac caa tat cag ctt gcg aca tcg tct gtg aat gta 1603
 Gln Asn Leu Gln Asn Gln Tyr Gln Leu Ala Thr Ser Ser Val Asn Val
 490 495 500
 act caa agc gaa caa gaa gtc tta gat gca atc aat aaa aca act cct 1651
 Thr Gln Ser Glu Gln Glu Val Leu Asp Ala Ile Asn Lys Thr Thr Pro
 505 510 515
 gtc aca att cga gaa att gcc aca aaa aca ggg aaa act gca tcg tct 1699
 Val Thr Ile Arg Glu Ile Ala Thr Lys Thr Gly Lys Thr Ala Ser Ser
 520 525 530
 ctt cgg ccg ctg ctt cgt ggc ctt gtt gaa gca ggt ctt gtg gtt gca 1747
 Leu Arg Pro Leu Leu Arg Gly Leu Val Glu Ala Gly Leu Val Val Ala
 535 540 545
 act gct cca cca tca agc cgc aac cga gcg tac ttg aag gct 1789
 Thr Ala Pro Pro Ser Ser Arg Asn Arg Ala Tyr Leu Lys Ala
 550 555 560
 tgaccaccca acgaactcac cggtgtcagc 1819

<210> 72

<211> 563

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 72

Val Glu Pro Phe Glu Leu Glu Lys Asp Leu Glu Arg Leu Arg Lys Asn
 1 5 10 15
 Gly Lys Asp Asp Glu Thr Val Glu Val Lys Ser Trp Gly Arg Leu Pro
 20 25 30
 Leu Ser Lys Gly Ser Lys Ser Phe Trp Glu Ser Leu Ser Ala Phe Ala
 35 40 45
 Asn Thr Asn Gly Gly Tyr Ile Leu Leu Gly Leu Ser Glu Pro Asp Phe
 50 55 60
 Thr Pro Val Glu Gly Phe Asp Ser Gln Ala Ser Ile Gln Phe Ile Arg
 65 70 75 80
 Ala Gly Leu Asn Pro Gln Asp Arg Asp Ala Gln Lys Val Glu Pro Val
 85 90 95
 Pro His His Glu Ile His Glu Met Thr Val Asp Gly Ala Glu Val Val

100					105					110					
Leu	Val	Ser	Val	Ser	Pro	Leu	Ser	Val	Asn	Gly	Pro	Cys	Tyr	Tyr	Leu
		115					120					125			
Pro	Val	Gly	Ile	Thr	Asn	Gly	Ser	Phe	Lys	Arg	Val	Gly	Asp	Glu	Asp
	130					135					140				
Arg	Lys	Leu	Ser	His	Leu	Glu	Ile	Tyr	Glu	Leu	Gln	Asn	Arg	Phe	Val
145					150					155					160
Gln	Thr	Lys	Thr	Asp	Arg	Asn	Pro	Val	Pro	Asp	Ser	Ser	Ile	Asp	Asp
				165					170					175	
Leu	Asn	Asn	Gln	Leu	Ala	Ala	Ser	Phe	Lys	Gln	Arg	Leu	Ile	Glu	Ser
			180					185						190	
Asn	Ser	Arg	Ser	Leu	Gly	Thr	Asp	Asp	Asn	Trp	Leu	Leu	Arg	Lys	Asn
		195					200					205			
Ile	Thr	Thr	Ser	Lys	Gly	Glu	Leu	Thr	Ile	Ala	Gly	Leu	Leu	Ala	Leu
	210					215					220				
Gly	Ser	Tyr	Pro	Gln	Gln	Phe	Phe	Pro	Arg	Val	Ile	Ile	Asp	Val	Ala
225					230					235					240
Val	His	Pro	Gly	Leu	His	Lys	Ser	Pro	Ile	Gly	Thr	Ser	Ile	Arg	Phe
				245					250					255	
Glu	Asp	Arg	Lys	Ile	Cys	Glu	Gly	Asn	Leu	Leu	Glu	Met	Val	Gln	Glu
			260					265					270		
Ala	Met	Ser	Ala	Ile	Lys	Arg	Asn	Leu	Arg	Val	Arg	Arg	Val	Val	Glu
		275					280					285			
Gly	Leu	Ser	Gly	Lys	Asp	Val	Leu	Glu	Ile	Pro	Glu	Glu	Val	Leu	Arg
	290					295					300				
Glu	Ala	Leu	Ala	Asn	Ala	Val	Leu	His	Arg	Asp	Tyr	Ser	Glu	Leu	Ala
305					310					315					320
Gln	Asn	Glu	Ala	Ile	His	Val	Asp	Ile	Tyr	Lys	Asp	Arg	Val	Glu	Ile
				325					330					335	
Thr	Ser	Pro	Gly	Gly	Leu	Pro	Asn	Gly	Lys	Arg	Pro	Glu	Ser	Ile	Leu
			340					345					350		
Asp	Gly	Tyr	Ser	Glu	Pro	Arg	Asn	Arg	Val	Leu	Ser	Arg	Ile	Leu	Met
		355					360					365			
Asp	Ile	Pro	Trp	Thr	His	Glu	Val	Gln	Gly	Val	Leu	Ala	Glu	Ser	Asn
	370					375					380				
Gly	Thr	Gly	Val	Pro	Arg	Met	Phe	Asn	Leu	Met	Arg	Glu	Ala	Gly	Leu
385					390					395					400
Pro	Val	Pro	Asn	Phe	Lys	Ile	Asp	Ile	Ser	Ser	Val	Thr	Val	Glu	Leu
				405					410					415	
Ser	Arg	His	Gly	Leu	Leu	Asp	Ala	Gln	Thr	Ser	Glu	Trp	Leu	Val	Glu
			420					425					430		
Lys	Leu	Gly	Ser	Asp	Phe	Ser	Asn	Thr	Gln	Gly	Ile	Ala	Leu	Val	Leu
	435						440					445			

Ala Lys Glu Leu Gly Ala Val Thr Ser Arg Asp Leu Arg Asn Gln Thr
 450 455 460

Gly His Asp Ser Glu Asp Met Arg Ser Leu Leu Asp Ala Leu Val Asp
 465 470 475 480

Arg Gly Val Leu Asn Gln Asn Leu Gln Asn Gln Tyr Gln Leu Ala Thr
 485 490 495

Ser Ser Val Asn Val Thr Gln Ser Glu Gln Glu Val Leu Asp Ala Ile
 500 505 510

Asn Lys Thr Thr Pro Val Thr Ile Arg Glu Ile Ala Thr Lys Thr Gly
 515 520 525

Lys Thr Ala Ser Ser Leu Arg Pro Leu Leu Arg Gly Leu Val Glu Ala
 530 535 540

Gly Leu Val Val Ala Thr Ala Pro Pro Ser Ser Arg Asn Arg Ala Tyr
 545 550 555 560

Leu Lys Ala

<210> 73
 <211> 1009
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(979)
 <223> RXA02476

<400> 73
 cgggcggagt tctatcaaca ttacgcaaag gcataagctt tattattcca ctcggtgtga 60
 catatgacct aaagtgccag tcagtacaat catttaggtc atg tca ttt aca gct 115
 Met Ser Phe Thr Ala
 1 5

ttt caa aca gcc ctg ctc gtg tgg ttt aga gca aat gcc cgc gat ctt 163
 Phe Gln Thr Ala Leu Leu Val Trp Phe Arg Ala Asn Ala Arg Asp Leu
 10 15 20

gcg tgg cgt gat ccc aat act tca gca tgg gga att ctc ctt tca gag 211
 Ala Trp Arg Asp Pro Asn Thr Ser Ala Trp Gly Ile Leu Leu Ser Glu
 25 30 35

gtg atg agc caa caa act ccc gtc gcg cga gtc gag ccg att tgg cgt 259
 Val Met Ser Gln Gln Thr Pro Val Ala Arg Val Glu Pro Ile Trp Arg
 40 45 50

gag tgg atg gaa aaa tgg ccc act ccg gaa gat ttc gcg aat gcg agc 307
 Glu Trp Met Glu Lys Trp Pro Thr Pro Glu Asp Phe Ala Asn Ala Ser
 55 60 65

acc gat gag att ttg cgg tcg tgg ggc aag ttg ggc tat cca cgt agg 355
 Thr Asp Glu Ile Leu Arg Ser Trp Gly Lys Leu Gly Tyr Pro Arg Arg
 70 75 80 85

gcg ctg agg ttg aag gaa tgt gcg gag gtg atc gtc gaa aag cat gcc 403

Ala	Leu	Arg	Leu	Lys	Glu	Cys	Ala	Glu	Val	Ile	Val	Glu	Lys	His	Ala		
				90					95					100			
ggc	gag	gtg	ccg	gat	acg	gtg	gag	gcg	ctg	ctc	gcg	ttg	ccg	ggg	atc	451	
Gly	Glu	Val	Pro	Asp	Thr	Val	Glu	Ala	Leu	Leu	Ala	Leu	Pro	Gly	Ile		
			105					110					115				
ggt	gat	tac	acg	gcg	cgc	gcg	gtc	gcg	gcg	ttt	cat	ttt	ggg	cag	cgc	499	
Gly	Asp	Tyr	Thr	Ala	Arg	Ala	Val	Ala	Ala	Phe	His	Phe	Gly	Gln	Arg		
		120					125					130					
gtg	ccg	gtg	gtc	gat	acg	aac	gtg	cgt	cgc	gtg	tac	cag	cgc	gcg	gta	547	
Val	Pro	Val	Val	Asp	Thr	Asn	Val	Arg	Arg	Val	Tyr	Gln	Arg	Ala	Val		
	135					140					145						
gcc	gga	cgt	tac	ctt	gcg	ggg	cct	gcg	aaa	aag	caa	gag	ctt	atc	gac	595	
Ala	Gly	Arg	Tyr	Leu	Ala	Gly	Pro	Ala	Lys	Lys	Gln	Glu	Leu	Ile	Asp		
150					155				160					165			
gtc	tcc	ctt	ctc	ctt	ccc	aac	act	cac	gcc	cca	gaa	ttc	tct	gcc	gca	643	
Val	Ser	Leu	Leu	Leu	Pro	Asn	Thr	His	Ala	Pro	Glu	Phe	Ser	Ala	Ala		
			170					175						180			
ata	atg	gag	ttg	ggt	gct	ctt	atc	tgc	acg	gcc	act	tcc	cca	aag	tgt	691	
Ile	Met	Glu	Leu	Gly	Ala	Leu	Ile	Cys	Thr	Ala	Thr	Ser	Pro	Lys	Cys		
			185				190						195				
gac	acc	tgc	cca	ctg	ctt	gac	cag	tgt	caa	tgg	caa	aaa	ctt	ggc	tgt	739	
Asp	Thr	Cys	Pro	Leu	Leu	Asp	Gln	Cys	Gln	Trp	Gln	Lys	Leu	Gly	Cys		
		200				205						210					
ccc	tcc	ccg	agt	gaa	gag	gag	ctg	gct	tca	gcg	aaa	aag	cgt	gtg	cag	787	
Pro	Ser	Pro	Ser	Glu	Glu	Glu	Leu	Ala	Ser	Ala	Lys	Lys	Arg	Val	Gln		
	215					220				225							
aaa	ttt	gtg	gga	acc	gac	cga	caa	gtc	cgt	ggc	cta	atc	atg	gac	gta	835	
Lys	Phe	Val	Gly	Thr	Asp	Arg	Gln	Val	Arg	Gly	Leu	Ile	Met	Asp	Val		
230				235				240						245			
ctg	cgc	aat	gcc	acc	gca	cct	gtg	cca	cta	tcc	gcg	att	gat	gtc	gtg	883	
Leu	Arg	Asn	Ala	Thr	Ala	Pro	Val	Pro	Leu	Ser	Ala	Ile	Asp	Val	Val		
			250					255						260			
tgg	cct	gac	gat	gcc	caa	cgc	tcc	cgg	gcg	ctg	ttt	tcg	ctc	att	gag	931	
Trp	Pro	Asp	Asp	Ala	Gln	Arg	Ser	Arg	Ala	Leu	Phe	Ser	Leu	Ile	Glu		
		265				270							275				
gac	gga	ctc	gcg	gaa	caa	aat	gag	gcg	ggt	tat	ttc	cac	ctg	cca	cgg	979	
Asp	Gly	Leu	Ala	Glu	Gln	Asn	Glu	Ala	Gly	Tyr	Phe	His	Leu	Pro	Arg		
		280				285						290					
taaaccactg cgcgcctgca aaaaacagta																1009	

<210> 74

<211> 293

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 74

Met	Ser	Phe	Thr	Ala	Phe	Gln	Thr	Ala	Leu	Leu	Val	Trp	Phe	Arg	Ala
1				5					10					15	

[illegible]

<210> 75

<211> 3319

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101) .. (3289)

<223> RXA02726

<400> 75

```

ttgtgtcaac gaagtggagc tagttaattt agctcaagct ggggtgggtacc gcgtccgttt 60

tttagggcgt ccccgagcagt agaacgataa ttattgttac ttg cgt gaa gga tgg 115
                                   Leu Arg Glu Gly Trp
                                   1         5

gac cga aca cac atg tct gaa gcc gtt ggc gga gtt tac cca cag gtt 163
Asp Arg Thr His Met Ser Glu Ala Val Gly Gly Val Tyr Pro Gln Val
                                   10         15         20

gat tta tct ggt ggg tca tcc aga ttt cca gag atg gaa gag aat gta 211
Asp Leu Ser Gly Gly Ser Ser Arg Phe Pro Glu Met Glu Glu Asn Val
                                   25         30         35

ctg agc tac tgg aag aag gat gac acc ttc cag gcc agc atc gat cag 259
Leu Ser Tyr Trp Lys Lys Asp Asp Thr Phe Gln Ala Ser Ile Asp Gln
                                   40         45         50

cgc gat ggt gct gaa gac tac gtc ttt tac gat ggc cct cct ttt gca 307
Arg Asp Gly Ala Glu Asp Tyr Val Phe Tyr Asp Gly Pro Pro Phe Ala
                                   55         60         65

aac ggt ctg cca cac tac ggc cac cta ctg act ggt tac gtc aag gac 355
Asn Gly Leu Pro His Tyr Gly His Leu Leu Thr Gly Tyr Val Lys Asp
                                   70         75         80         85

att gtt cct cgc tac cag acc atg cgt ggc tac cgc gtt cct cgt gtc 403
Ile Val Pro Arg Tyr Gln Thr Met Arg Gly Tyr Arg Val Pro Arg Val
                                   90         95         100

ttc ggt tgg gat acc cac ggt ctg cca gct gaa ctt gag gct gaa aag 451
Phe Gly Trp Asp Thr His Gly Leu Pro Ala Glu Leu Glu Ala Glu Lys
                                   105         110         115

cag ctc ggc atc aag gac aag ggc gag atc gag gcc atg ggt ctt gcc 499
Gln Leu Gly Ile Lys Asp Lys Gly Glu Ile Glu Ala Met Gly Leu Ala
                                   120         125         130

aag ttc aac gag tac tgt gca acc tcc gtg ttg cag tac acc aag gaa 547
Lys Phe Asn Glu Tyr Cys Ala Thr Ser Val Leu Gln Tyr Thr Lys Glu
                                   135         140         145

tgg gaa gag tac gtc acc cgc cag gct cgt tgg gtg gac ttt gaa aac 595
Trp Glu Glu Tyr Val Thr Arg Gln Ala Arg Trp Val Asp Phe Glu Asn
                                   150         155         160         165

ggc tac aag acc atg gac ctt tct ttc atg gag tcc gtg atc tgg gcg 643
Gly Tyr Lys Thr Met Asp Leu Ser Phe Met Glu Ser Val Ile Trp Ala
                                   170         175         180

ttc aag gaa ctc tac gac aag ggc ctg atc tac cag ggt ttc cgc gtt 691
Phe Lys Glu Leu Tyr Asp Lys Gly Leu Ile Tyr Gln Gly Phe Arg Val
                                   185         190         195

ctt cct tac tcc tgg gca gag cac acc cca ctg tcc aac cag gaa acc 739
Leu Pro Tyr Ser Trp Ala Glu His Thr Pro Leu Ser Asn Gln Glu Thr
                                   200         205         210

cga ctg gat gac tcc tac aag ctg cgc cag gat cca acc ctg acc gtc 787
Arg Leu Asp Asp Ser Tyr Lys Leu Arg Gln Asp Pro Thr Leu Thr Val
                                   215         220         225

acg ttc cca gtc acc ggt gtc gtc gaa ggt tct tct gca aac gct ggc 835

```

Thr 230	Phe	Pro	Val	Thr	Gly 235	Val	Val	Glu	Gly	Ser 240	Ser	Ala	Asn	Ala	Gly 245	
ctg	gtg	gga	gcg	ttg	gct	ctt	gcg	tgg	acg	act	acc	ccg	tgg	acc	ctt	883
Leu	Val	Gly	Ala	Leu	Ala	Leu	Ala	Trp	Thr	Thr	Thr	Pro	Trp	Thr	Leu	
				250					255						260	
cca	tcc	aac	ctt	gcg	ttg	gct	gtg	aac	cca	gcg	gtg	acc	tac	gca	ttg	931
Pro	Ser	Asn	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Asn	Pro	Ala	Val	Thr	Tyr	Ala	Leu	
			265					270					275			
gtt	gag	gtt	gct	gaa	gac	ggt	gag	gca	gaa	ttc	gtc	ggc	aag	cgt	gtg	979
Val	Glu	Val	Ala	Glu	Asp	Gly	Glu	Ala	Glu	Phe	Val	Gly	Lys	Arg	Val	
		280					285					290				
ctt	ttg	gct	aag	gac	ctc	gtt	ggt	tcc	tac	gcc	aag	gaa	ctc	ggt	gct	1027
Leu	Leu	Ala	Lys	Asp	Leu	Val	Gly	Ser	Tyr	Ala	Lys	Glu	Leu	Gly	Ala	
	295					300					305					
gag	gct	gtt	atc	gtt	tct	gag	cac	cca	ggc	tct	gaa	ctg	gtc	gga	ctg	1075
Glu	Ala	Val	Ile	Val	Ser	Glu	His	Pro	Gly	Ser	Glu	Leu	Val	Gly	Leu	
310						315				320					325	
acc	tac	gag	cca	atc	ttt	gga	tat	ttc	cgc	gat	cac	gcg	aac	gga	ttc	1123
Thr	Tyr	Glu	Pro	Ile	Phe	Gly	Tyr	Phe	Arg	Asp	His	Ala	Asn	Gly	Phe	
				330					335					340		
cag	atc	ctc	ggt	gca	gag	tac	gtc	acc	acc	gaa	gac	ggc	acc	ggt	atc	1171
Gln	Ile	Leu	Gly	Ala	Glu	Tyr	Val	Thr	Thr	Glu	Asp	Gly	Thr	Gly	Ile	
			345					350					355			
gtc	cac	cag	gca	cca	gct	ttc	ggt	gaa	gac	gat	atg	aac	acc	tgt	aac	1219
Val	His	Gln	Ala	Pro	Ala	Phe	Gly	Glu	Asp	Asp	Met	Asn	Thr	Cys	Asn	
		360					365					370				
gct	gcc	ggc	att	gag	cca	gtc	atc	cca	gtg	gac	atc	gac	ggc	aag	ttc	1267
Ala	Ala	Gly	Ile	Glu	Pro	Val	Ile	Pro	Val	Asp	Ile	Asp	Gly	Lys	Phe	
	375					380					385					
acc	ggt	ttg	gtt	cct	gaa	tac	caa	ggt	cag	ctt	gtt	ttc	gat	gcc	aac	1315
Thr	Gly	Leu	Val	Pro	Glu	Tyr	Gln	Gly	Gln	Leu	Val	Phe	Asp	Ala	Asn	
390					395				400						405	
aag	gac	atc	atc	aag	gac	ttg	aag	gct	gca	ggt	cgc	gtg	gtt	cgc	cac	1363
Lys	Asp	Ile	Ile	Lys	Asp	Leu	Lys	Ala	Ala	Gly	Arg	Val	Val	Arg	His	
				410					415					420		
cag	acc	atc	gaa	cac	tcc	tac	cca	cac	tct	tgg	cgt	tcc	ggt	gag	cca	1411
Gln	Thr	Ile	Glu	His	Ser	Tyr	Pro	His	Ser	Trp	Arg	Ser	Gly	Glu	Pro	
			425					430					435			
ctg	atc	tac	atg	gct	ctg	cca	tct	tgg	ttt	gtg	aat	gtc	acc	gaa	atc	1459
Leu	Ile	Tyr	Met	Ala	Leu	Pro	Ser	Trp	Phe	Val	Asn	Val	Thr	Glu	Ile	
		440					445					450				
cgc	gac	cgc	atg	gtt	gag	gtc	aac	cag	gac	atc	gag	tgg	atg	cca	gcg	1507
Arg	Asp	Arg	Met	Val	Glu	Val	Asn	Gln	Asp	Ile	Glu	Trp	Met	Pro	Ala	
	455					460					465					
cac	atc	cgc	gac	ggc	cag	ttc	ggc	aag	tgg	cta	gaa	ggt	gcc	cgc	gac	1555
His	Ile	Arg	Asp	Gly	Gln	Phe	Gly	Lys	Trp	Leu	Glu	Gly	Ala	Arg	Asp	
470					475				480					485		
tgg	aac	atc	tcc	cgt	tcc	cgt	tac	tgg	ggt	tca	cca	att	cca	gca	tgg	1603

Trp	Asn	Ile	Ser	Arg	Ser	Arg	Tyr	Trp	Gly	Ser	Pro	Ile	Pro	Ala	Trp	
			490						495					500		
gtc	tcc	gac	aac	gac	gaa	tac	cca	cgc	gtt	gat	gtt	tat	ggc	tcc	ctc	1651
Val	Ser	Asp	Asn	Asp	Glu	Tyr	Pro	Arg	Val	Asp	Val	Tyr	Gly	Ser	Leu	
			505					510					515			
gat	gag	ctt	gag	gct	gac	ttt	ggc	gtg	cgt	cca	aag	tcc	ctg	cac	cgt	1699
Asp	Glu	Leu	Glu	Ala	Asp	Phe	Gly	Val	Arg	Pro	Lys	Ser	Leu	His	Arg	
			520				525					530				
cca	gac	atc	gat	gaa	cta	act	cgt	cca	aac	cca	gac	gat	cca	acc	ggc	1747
Pro	Asp	Ile	Asp	Glu	Leu	Thr	Arg	Pro	Asn	Pro	Asp	Asp	Pro	Thr	Gly	
			535			540					545					
aag	tcc	acc	atg	cga	cgc	gtc	acc	gat	gtt	ttg	gac	gtg	tgg	ttc	gac	1795
Lys	Ser	Thr	Met	Arg	Arg	Val	Thr	Asp	Val	Leu	Asp	Val	Trp	Phe	Asp	
550					555					560					565	
tcc	ggc	tcc	atg	ccg	ttt	gcc	cag	gtg	cac	tac	cca	ttc	gag	aac	aaa	1843
Ser	Gly	Ser	Met	Pro	Phe	Ala	Gln	Val	His	Tyr	Pro	Phe	Glu	Asn	Lys	
				570					575					580		
gaa	tgg	ttt	gat	acc	cac	gca	cca	gca	gac	ttc	atc	gtg	gag	tac	atc	1891
Glu	Trp	Phe	Asp	Thr	His	Ala	Pro	Ala	Asp	Phe	Ile	Val	Glu	Tyr	Ile	
			585					590					595			
ggc	cag	acc	cgc	ggc	tgg	ttc	tac	ctg	ctg	cac	gtg	ctg	tcc	acc	gca	1939
Gly	Gln	Thr	Arg	Gly	Trp	Phe	Tyr	Leu	Leu	His	Val	Leu	Ser	Thr	Ala	
		600					605					610				
ctg	ttt	gac	cgc	cca	gct	ttc	aag	aag	gtt	gtc	gca	cac	ggc	atc	gtc	1987
Leu	Phe	Asp	Arg	Pro	Ala	Phe	Lys	Lys	Val	Val	Ala	His	Gly	Ile	Val	
	615					620					625					
ttg	ggc	gat	gac	gga	ctg	aag	atg	tcc	aag	tcc	aag	ggc	aac	tac	ccg	2035
Leu	Gly	Asp	Asp	Gly	Leu	Lys	Met	Ser	Lys	Ser	Lys	Gly	Asn	Tyr	Pro	
					635					640					645	
aac	gtc	aac	gag	gtc	ttc	gac	cgc	gac	ggc	tcc	gac	gcc	atg	cgt	tgg	2083
Asn	Val	Asn	Glu	Val	Phe	Asp	Arg	Asp	Gly	Ser	Asp	Ala	Met	Arg	Trp	
				650					655					660		
ttc	ctc	atg	agt	tcc	cca	atc	ctg	cgc	ggc	ggc	aac	ttg	att	gtc	acc	2131
Phe	Leu	Met	Ser	Ser	Pro	Ile	Leu	Arg	Gly	Gly	Asn	Leu	Ile	Val	Thr	
			665					670					675			
gaa	aag	ggc	atc	cgc	gaa	ggc	gtg	cgc	caa	gca	cag	ctt	cca	atg	tgg	2179
Glu	Lys	Gly	Ile	Arg	Glu	Gly	Val	Arg	Gln	Ala	Gln	Leu	Pro	Met	Trp	
		680					685					690				
aac	gca	tac	tcc	ttc	ctg	cag	ctg	tac	acc	tcc	aag	aac	gca	acc	tgg	2227
Asn	Ala	Tyr	Ser	Phe	Leu	Gln	Leu	Tyr	Thr	Ser	Lys	Asn	Ala	Thr	Trp	
		695				700					705					
tca	gtc	gac	tcc	act	gac	gtg	ctg	gac	cgc	tac	atc	ctg	gcg	aag	ctg	2275
Ser	Val	Asp	Ser	Thr	Asp	Val	Leu	Asp	Arg	Tyr	Ile	Leu	Ala	Lys	Leu	
					715					720					725	
cac	gat	ttg	gtg	gca	gag	acc	cag	gcg	gca	ctc	gac	ggc	act	gac	att	2323
His	Asp	Leu	Val	Ala	Glu	Thr	Gln	Ala	Ala	Leu	Asp	Gly	Thr	Asp	Ile	
				730					735					740		
gca	aag	gct	tgc	gac	ttg	gtt	cgt	aac	ttc	tgt	gat	gcg	ttg	acc	aac	2371

Ala Lys Ala Cys Asp Leu Val Arg Asn Phe Cys Asp Ala Leu Thr Asn	
745 750 755	
tgg tac gtg cgt cgt tcc cgc gac cgt ttc tgg gct ggt gat gaa gca	2419
Trp Tyr Val Arg Arg Ser Arg Asp Arg Phe Trp Ala Gly Asp Glu Ala	
760 765 770	
cac cca gag gct ttc aac acc ttg tac acc gtg ctg gaa acc ctc acc	2467
His Pro Glu Ala Phe Asn Thr Leu Tyr Thr Val Leu Glu Thr Leu Thr	
775 780 785	
cgc gtg gca gct cca ctg ctg cca atg acc acc gaa gtg atc tgg cgt	2515
Arg Val Ala Ala Pro Leu Leu Pro Met Thr Thr Glu Val Ile Trp Arg	
790 795 800 805	
gga ctg acc ggc gag cgt tct gtg cac ctg act gat ttc cca tcc gct	2563
Gly Leu Thr Gly Glu Arg Ser Val His Leu Thr Asp Phe Pro Ser Ala	
810 815 820	
gag tct ttc cca gca gat gct gat ttg gtt cgc acc atg gat gag atc	2611
Glu Ser Phe Pro Ala Asp Ala Asp Leu Val Arg Thr Met Asp Glu Ile	
825 830 835	
cgt ggc gtg tgc tct gcg gct tcc tct gtt cgt aag gct cac aag ctg	2659
Arg Gly Val Cys Ser Ala Ala Ser Ser Val Arg Lys Ala His Lys Leu	
840 845 850	
cgt aac cgt ctg cca ctt cca ggc ctg act gtt gct ctt cca gac tct	2707
Arg Asn Arg Leu Pro Leu Pro Gly Leu Thr Val Ala Leu Pro Asp Ser	
855 860 865	
gct cgc ctg gca gac ttc gct tcg atc atc cgc gat gag gtc aac gtg	2755
Ala Arg Leu Ala Asp Phe Ala Ser Ile Ile Arg Asp Glu Val Asn Val	
870 875 880 885	
aag aac gtg gat ctg acc tct gac gtg gat tcc gtg gga acc ttc gag	2803
Lys Asn Val Asp Leu Thr Ser Asp Val Asp Ser Val Gly Thr Phe Glu	
890 895 900	
gtt gtt gtt aac gct aag gtt gca ggt cct cgc ttg ggc aag gac gtc	2851
Val Val Val Asn Ala Lys Val Ala Gly Pro Arg Leu Gly Lys Asp Val	
905 910 915	
cag cgc gtg atc aag gct gtg aag gct ggc aac tac acc cgc gaa ggc	2899
Gln Arg Val Ile Lys Ala Val Lys Ala Gly Asn Tyr Thr Arg Glu Gly	
920 925 930	
gac gtc gtt gtt gcc gat ggc atc gag ctc aac gag ggt gaa ttc acc	2947
Asp Val Val Val Ala Asp Gly Ile Glu Leu Asn Glu Gly Glu Phe Thr	
935 940 945	
gag cgt ctc gta gca gca aac cct gat tcc acc gcg cag atc gac ggc	2995
Glu Arg Leu Val Ala Ala Asn Pro Asp Ser Thr Ala Gln Ile Asp Gly	
950 955 960 965	
gtg gat gga ctc gtg gtt ctg gac atg gaa gtc acg gaa gaa ctt gaa	3043
Val Asp Gly Leu Val Val Leu Asp Met Glu Val Thr Glu Glu Leu Glu	
970 975 980	
gca gaa ggc tgg gca gcg gac gcg atc cgt ggc ctg cag gat gct cga	3091
Ala Glu Gly Trp Ala Ala Asp Ala Ile Arg Gly Leu Gln Asp Ala Arg	
985 990 995	
aag aac tcc ggc ttt gag gtt tct gac cgc att tct gtt gtc gtc agc	3139

Lys Asn Ser Gly Phe Glu Val Ser Asp Arg Ile Ser Val Val Val Ser
 1000 1005 1010
 gtt cct gag gac aag aag gaa tgg atc acc act cac gct gat cac atc 3187
 Val Pro Glu Asp Lys Lys Glu Trp Ile Thr Thr His Ala Asp His Ile
 1015 1020 1025
 gca gcg gaa gtt ttg gca acc tcc ttt gag atc gtc act gat gcc ctc 3235
 Ala Ala Glu Val Leu Ala Thr Ser Phe Glu Ile Val Thr Asp Ala Leu
 1030 1035 1040 1045
 gac ggc gaa acc cac gac att gtc gct ggt gtg acc gcg aag gtt act 3283
 Asp Gly Glu Thr His Asp Ile Val Ala Gly Val Thr Ala Lys Val Thr
 1050 1055 1060
 aag aac taagagttgt tttgttgaga aagcccgcgtg 3319
 Lys Asn

<210> 76

<211> 1063

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 76

Leu Arg Glu Gly Trp Asp Arg Thr His Met Ser Glu Ala Val Gly Gly
 1 5 10 15
 Val Tyr Pro Gln Val Asp Leu Ser Gly Gly Ser Ser Arg Phe Pro Glu
 20 25 30
 Met Glu Glu Asn Val Leu Ser Tyr Trp Lys Lys Asp Asp Thr Phe Gln
 35 40 45
 Ala Ser Ile Asp Gln Arg Asp Gly Ala Glu Asp Tyr Val Phe Tyr Asp
 50 55 60
 Gly Pro Pro Phe Ala Asn Gly Leu Pro His Tyr Gly His Leu Leu Thr
 65 70 75 80
 Gly Tyr Val Lys Asp Ile Val Pro Arg Tyr Gln Thr Met Arg Gly Tyr
 85 90 95
 Arg Val Pro Arg Val Phe Gly Trp Asp Thr His Gly Leu Pro Ala Glu
 100 105 110
 Leu Glu Ala Glu Lys Gln Leu Gly Ile Lys Asp Lys Gly Glu Ile Glu
 115 120 125
 Ala Met Gly Leu Ala Lys Phe Asn Glu Tyr Cys Ala Thr Ser Val Leu
 130 135 140
 Gln Tyr Thr Lys Glu Trp Glu Glu Tyr Val Thr Arg Gln Ala Arg Trp
 145 150 155 160
 Val Asp Phe Glu Asn Gly Tyr Lys Thr Met Asp Leu Ser Phe Met Glu
 165 170 175
 Ser Val Ile Trp Ala Phe Lys Glu Leu Tyr Asp Lys Gly Leu Ile Tyr
 180 185 190
 Gln Gly Phe Arg Val Leu Pro Tyr Ser Trp Ala Glu His Thr Pro Leu

195					200					205					
Ser	Asn	Gln	Glu	Thr	Arg	Leu	Asp	Asp	Ser	Tyr	Lys	Leu	Arg	Gln	Asp
210					215				220						
Pro	Thr	Leu	Thr	Val	Thr	Phe	Pro	Val	Thr	Gly	Val	Val	Glu	Gly	Ser
225					230				235						240
Ser	Ala	Asn	Ala	Gly	Leu	Val	Gly	Ala	Leu	Ala	Leu	Ala	Trp	Thr	Thr
				245					250					255	
Thr	Pro	Trp	Thr	Leu	Pro	Ser	Asn	Leu	Ala	Leu	Ala	Val	Asn	Pro	Ala
			260					265					270		
Val	Thr	Tyr	Ala	Leu	Val	Glu	Val	Ala	Glu	Asp	Gly	Glu	Ala	Glu	Phe
		275					280					285			
Val	Gly	Lys	Arg	Val	Leu	Leu	Ala	Lys	Asp	Leu	Val	Gly	Ser	Tyr	Ala
290					295				300						
Lys	Glu	Leu	Gly	Ala	Glu	Ala	Val	Ile	Val	Ser	Glu	His	Pro	Gly	Ser
305					310				315						320
Glu	Leu	Val	Gly	Leu	Thr	Tyr	Glu	Pro	Ile	Phe	Gly	Tyr	Phe	Arg	Asp
			325						330					335	
His	Ala	Asn	Gly	Phe	Gln	Ile	Leu	Gly	Ala	Glu	Tyr	Val	Thr	Thr	Glu
			340					345					350		
Asp	Gly	Thr	Gly	Ile	Val	His	Gln	Ala	Pro	Ala	Phe	Gly	Glu	Asp	Asp
		355					360				365				
Met	Asn	Thr	Cys	Asn	Ala	Ala	Gly	Ile	Glu	Pro	Val	Ile	Pro	Val	Asp
370					375				380						
Ile	Asp	Gly	Lys	Phe	Thr	Gly	Leu	Val	Pro	Glu	Tyr	Gln	Gly	Gln	Leu
385					390				395						400
Val	Phe	Asp	Ala	Asn	Lys	Asp	Ile	Ile	Lys	Asp	Leu	Lys	Ala	Ala	Gly
			405						410				415		
Arg	Val	Val	Arg	His	Gln	Thr	Ile	Glu	His	Ser	Tyr	Pro	His	Ser	Trp
			420					425					430		
Arg	Ser	Gly	Glu	Pro	Leu	Ile	Tyr	Met	Ala	Leu	Pro	Ser	Trp	Phe	Val
		435					440				445				
Asn	Val	Thr	Glu	Ile	Arg	Asp	Arg	Met	Val	Glu	Val	Asn	Gln	Asp	Ile
450					455				460						
Glu	Trp	Met	Pro	Ala	His	Ile	Arg	Asp	Gly	Gln	Phe	Gly	Lys	Trp	Leu
465					470				475						480
Glu	Gly	Ala	Arg	Asp	Trp	Asn	Ile	Ser	Arg	Ser	Arg	Tyr	Trp	Gly	Ser
			485						490				495		
Pro	Ile	Pro	Ala	Trp	Val	Ser	Asp	Asn	Asp	Glu	Tyr	Pro	Arg	Val	Asp
			500					505					510		
Val	Tyr	Gly	Ser	Leu	Asp	Glu	Leu	Glu	Ala	Asp	Phe	Gly	Val	Arg	Pro
		515					520				525				
Lys	Ser	Leu	His	Arg	Pro	Asp	Ile	Asp	Glu	Leu	Thr	Arg	Pro	Asn	Pro
530					535				540						

Asp	Asp	Pro	Thr	Gly	Lys	Ser	Thr	Met	Arg	Arg	Val	Thr	Asp	Val	Leu
545					550					555					560
Asp	Val	Trp	Phe	Asp	Ser	Gly	Ser	Met	Pro	Phe	Ala	Gln	Val	His	Tyr
				565					570					575	
Pro	Phe	Glu	Asn	Lys	Glu	Trp	Phe	Asp	Thr	His	Ala	Pro	Ala	Asp	Phe
			580					585					590		
Ile	Val	Glu	Tyr	Ile	Gly	Gln	Thr	Arg	Gly	Trp	Phe	Tyr	Leu	Leu	His
		595					600					605			
Val	Leu	Ser	Thr	Ala	Leu	Phe	Asp	Arg	Pro	Ala	Phe	Lys	Lys	Val	Val
	610					615					620				
Ala	His	Gly	Ile	Val	Leu	Gly	Asp	Asp	Gly	Leu	Lys	Met	Ser	Lys	Ser
625					630					635					640
Lys	Gly	Asn	Tyr	Pro	Asn	Val	Asn	Glu	Val	Phe	Asp	Arg	Asp	Gly	Ser
				645					650					655	
Asp	Ala	Met	Arg	Trp	Phe	Leu	Met	Ser	Ser	Pro	Ile	Leu	Arg	Gly	Gly
			660					665					670		
Asn	Leu	Ile	Val	Thr	Glu	Lys	Gly	Ile	Arg	Glu	Gly	Val	Arg	Gln	Ala
		675					680					685			
Gln	Leu	Pro	Met	Trp	Asn	Ala	Tyr	Ser	Phe	Leu	Gln	Leu	Tyr	Thr	Ser
	690					695					700				
Lys	Asn	Ala	Thr	Trp	Ser	Val	Asp	Ser	Thr	Asp	Val	Leu	Asp	Arg	Tyr
705					710					715					720
Ile	Leu	Ala	Lys	Leu	His	Asp	Leu	Val	Ala	Glu	Thr	Gln	Ala	Ala	Leu
			725						730					735	
Asp	Gly	Thr	Asp	Ile	Ala	Lys	Ala	Cys	Asp	Leu	Val	Arg	Asn	Phe	Cys
			740					745					750		
Asp	Ala	Leu	Thr	Asn	Trp	Tyr	Val	Arg	Arg	Ser	Arg	Asp	Arg	Phe	Trp
		755					760					765			
Ala	Gly	Asp	Glu	Ala	His	Pro	Glu	Ala	Phe	Asn	Thr	Leu	Tyr	Thr	Val
	770					775					780				
Leu	Glu	Thr	Leu	Thr	Arg	Val	Ala	Ala	Pro	Leu	Leu	Pro	Met	Thr	Thr
785					790					795					800
Glu	Val	Ile	Trp	Arg	Gly	Leu	Thr	Gly	Glu	Arg	Ser	Val	His	Leu	Thr
				805					810					815	
Asp	Phe	Pro	Ser	Ala	Glu	Ser	Phe	Pro	Ala	Asp	Ala	Asp	Leu	Val	Arg
			820					825					830		
Thr	Met	Asp	Glu	Ile	Arg	Gly	Val	Cys	Ser	Ala	Ala	Ser	Ser	Val	Arg
		835					840					845			
Lys	Ala	His	Lys	Leu	Arg	Asn	Arg	Leu	Pro	Leu	Pro	Gly	Leu	Thr	Val
	850					855					860				
Ala	Leu	Pro	Asp	Ser	Ala	Arg	Leu	Ala	Asp	Phe	Ala	Ser	Ile	Ile	Arg
865					870					875					880
Asp	Glu	Val	Asn	Val	Lys	Asn	Val	Asp	Leu	Thr	Ser	Asp	Val	Asp	Ser

885										890					895						
Val	Gly	Thr	Phe	Glu	Val	Val	Val	Asn	Ala	Lys	Val	Ala	Gly	Pro	Arg						
			900					905					910								
Leu	Gly	Lys	Asp	Val	Gln	Arg	Val	Ile	Lys	Ala	Val	Lys	Ala	Gly	Asn						
		915					920					925									
Tyr	Thr	Arg	Glu	Gly	Asp	Val	Val	Val	Ala	Asp	Gly	Ile	Glu	Leu	Asn						
	930					935					940										
Glu	Gly	Glu	Phe	Thr	Glu	Arg	Leu	Val	Ala	Ala	Asn	Pro	Asp	Ser	Thr						
945					950					955					960						
Ala	Gln	Ile	Asp	Gly	Val	Asp	Gly	Leu	Val	Val	Leu	Asp	Met	Glu	Val						
			965					970						975							
Thr	Glu	Glu	Leu	Glu	Ala	Glu	Gly	Trp	Ala	Ala	Asp	Ala	Ile	Arg	Gly						
		980						985					990								
Leu	Gln	Asp	Ala	Arg	Lys	Asn	Ser	Gly	Phe	Glu	Val	Ser	Asp	Arg	Ile						
	995					1000						1005									
Ser	Val	Val	Val	Ser	Val	Pro	Glu	Asp	Lys	Lys	Glu	Trp	Ile	Thr	Thr						
1010					1015						1020										
His	Ala	Asp	His	Ile	Ala	Ala	Glu	Val	Leu	Ala	Thr	Ser	Phe	Glu	Ile						
1025				1030					1035					1040							
Val	Thr	Asp	Ala	Leu	Asp	Gly	Glu	Thr	His	Asp	Ile	Val	Ala	Gly	Val						
			1045					1050					1055								
Thr	Ala	Lys	Val	Thr	Lys	Asn															
		1060																			

<210> 77
 <211> 2290
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2260)
 <223> RXA02731

<400> 77
 gttgcatcga gtcgcggggt ttcgcacgct tgatctaaat tcttgagggt tttccggccg 60
 ttgtttgcgc taaacgtagg ggtcaagcgt cgaaaagcgc ttg ctt gca cgc tgt 115
 Leu Leu Ala Arg Cys
 1 5
 ttt gct gcg ggc cgc aac gtg tcc acc ctg tgg cgt atc cta gaa tgc 163
 Phe Ala Ala Gly Arg Asn Val Ser Thr Leu Trp Arg Ile Leu Glu Cys
 10 15 20
 atg gct ttt gct gct gaa cat cct gtc ctg tcc cac tct gag cac cgc 211
 Met Ala Phe Ala Ala Glu His Pro Val Leu Ser His Ser Glu His Arg
 25 30 35
 ccg gtt ggt gaa atc gag cgt agc gat gac aaa ttt gtt gtc gtt agt 259
 Pro Val Gly Glu Ile Glu Arg Ser Asp Asp Lys Phe Val Val Val Ser

40	45	50	
gaa ttt gag cct gcg ggt gac cag cct gcg gct att aaa gag ctc gat Glu Phe Glu Pro Ala Gly Asp Gln Pro Ala Ala Ile Lys Glu Leu Asp 55 60 65			307
gag cgc ttg gat cgc ggt gag cgg gac gtc gtt ttg atg ggt gct act Glu Arg Leu Asp Arg Gly Glu Arg Asp Val Val Leu Met Gly Ala Thr 70 75 80 85			355
ggt acg ggt aag tcc gcg act gcg gcg tgg ttg atc gaa aag cag cag Gly Thr Gly Lys Ser Ala Thr Ala Ala Trp Leu Ile Glu Lys Gln Gln 90 95 100			403
cgc ccc gct ttg gtg atg gcg ccg aat aag acg ctg gct gcg cag ttg Arg Pro Ala Leu Val Met Ala Pro Asn Lys Thr Leu Ala Ala Gln Leu 105 110 115			451
gct aat gaa ttg cgg cag ctg ttg ccc aat aac gcg gtg gag tat ttc Ala Asn Glu Leu Arg Gln Leu Leu Pro Asn Asn Ala Val Glu Tyr Phe 120 125 130			499
gtg tct tat tac gat tac tac cag cca gaa gcg tat atc gcg cag act Val Ser Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Gln Pro Glu Ala Tyr Ile Ala Gln Thr 135 140 145			547
gat acc tat att gaa aag gac tcc tcg att aat gag gat gtg gag cgt Asp Thr Tyr Ile Glu Lys Asp Ser Ser Ile Asn Glu Asp Val Glu Arg 150 155 160 165			595
ctg cgt cac tcg gcg acg tcg tct ttg ctg agt agg cga gac gtc gtg Leu Arg His Ser Ala Thr Ser Ser Leu Leu Ser Arg Arg Asp Val Val 170 175 180			643
gtt gtt agt tcg gtg tcg tgt att tat ggc ttg ggc act cca cag tct Val Val Ser Ser Val Ser Cys Ile Tyr Gly Leu Gly Thr Pro Gln Ser 185 190 195			691
tat ctt gac cgt tcc gtt gtg ttg aac gtg ggg gag gag atc gac cgc Tyr Leu Asp Arg Ser Val Val Leu Asn Val Gly Glu Glu Ile Asp Arg 200 205 210			739
gat cgc ttt ttg cgc cta ttg gta gat att caa tac gaa cgc aat gat Asp Arg Phe Leu Arg Leu Leu Val Asp Ile Gln Tyr Glu Arg Asn Asp 215 220 225			787
gtg ggc ttt act cgt ggt gct ttc cgc gtg aag ggc gat acc gtg gac Val Gly Phe Thr Arg Gly Ala Phe Arg Val Lys Gly Asp Thr Val Asp 230 235 240 245			835
atc atc ccg gcc tat gag gaa ttg gcg gtg cgc att gag ttt ttc ggt Ile Ile Pro Ala Tyr Glu Glu Leu Ala Val Arg Ile Glu Phe Phe Gly 250 255 260			883
gat gaa att gat gcg ttg tac tac atc cat ccc ctg act ggt gac acc Asp Glu Ile Asp Ala Leu Tyr Tyr Ile His Pro Leu Thr Gly Asp Thr 265 270 275			931
atc cgg cag gtg aat gag atc cgt att ttc cca gct acg cac tat gtt Ile Arg Gln Val Asn Glu Ile Arg Ile Phe Pro Ala Thr His Tyr Val 280 285 290			979
gcg gga cct gag cgg atg gaa aag gca gtc gct gat att aag gcg gag			1027

Ala Gly Pro Glu Arg Met Glu Lys Ala Val Ala Asp Ile Lys Ala Glu	
295 300 305	
ttg gaa gtg cgc ctg gct gat ttg gag aac cgt ggc aag tta ttg gaa	1075
Leu Glu Val Arg Leu Ala Asp Leu Glu Asn Arg Gly Lys Leu Leu Glu	
310 315 320 325	
gcg cag cgt ctt agg atg cgt act gaa tat gac tta gaa atg atc gag	1123
Ala Gln Arg Leu Arg Met Arg Thr Glu Tyr Asp Leu Glu Met Ile Glu	
330 335 340	
cag gtt ggt ttc tgt tcg ggc att gag aac tat tct cgc cac att gat	1171
Gln Val Gly Phe Cys Ser Gly Ile Glu Asn Tyr Ser Arg His Ile Asp	
345 350 355	
gga cgt ggg gag gga acc gca ccg gcc acg ctg att gac tat ttc cca	1219
Gly Arg Gly Glu Gly Thr Ala Pro Ala Thr Leu Ile Asp Tyr Phe Pro	
360 365 370	
gag gat ttc ctc acc atc atc gat gag tct cac gtg aca gtc ccg cag	1267
Glu Asp Phe Leu Thr Ile Ile Asp Glu Ser His Val Thr Val Pro Gln	
375 380 385	
atc ggc ggc atg ttt gag ggc gat atg tcc cgt aaa cgt aac ctc gta	1315
Ile Gly Gly Met Phe Glu Gly Asp Met Ser Arg Lys Arg Asn Leu Val	
390 395 400 405	
gaa ttc ggt ttc cgc ctg cca tcc gcg atg gat aac cgc cca ttg acc	1363
Glu Phe Gly Phe Arg Leu Pro Ser Ala Met Asp Asn Arg Pro Leu Thr	
410 415 420	
tgg gag gag ttc gat gaa cgc cgt ggc caa acg gtg ttc atg tct gca	1411
Trp Glu Glu Phe Asp Glu Arg Arg Gly Gln Thr Val Phe Met Ser Ala	
425 430 435	
act cca ggc aag ttt gag atc gct gct gct gat ggt gag ttt gtg gag	1459
Thr Pro Gly Lys Phe Glu Ile Ala Ala Ala Asp Gly Glu Phe Val Glu	
440 445 450	
cag gtc att cgc cca aca ggt ctg gtg gat cca aag gtc acc gtc aag	1507
Gln Val Ile Arg Pro Thr Glu Leu Val Asp Pro Lys Val Thr Val Lys	
455 460 465	
cca acg aag ggg cag att gat gat ctg atc cat gaa att cgc caa cgc	1555
Pro Thr Lys Gly Gln Ile Asp Asp Leu Ile His Glu Ile Arg Gln Arg	
470 475 480 485	
acc gat aaa gat gag cgc gtt ttg gtc acc aca ttg acc aag aaa atg	1603
Thr Asp Lys Asp Glu Arg Val Leu Val Thr Thr Leu Thr Lys Lys Met	
490 495 500	
gct gag gat ctt act gat tac ctg ctg gaa aac ggc atc cgc gtg cgc	1651
Ala Glu Asp Leu Thr Asp Tyr Leu Leu Glu Asn Gly Ile Arg Val Arg	
505 510 515	
tac ctg cac tca gat att gat acc ttg cag cgt gtg gaa ttg ctg cgt	1699
Tyr Leu His Ser Asp Ile Asp Thr Leu Gln Arg Val Glu Leu Leu Arg	
520 525 530	
cag ctt cgc ctg ggc gaa tac gat gtg ttg gta ggt att aac ctg ctg	1747
Gln Leu Arg Leu Gly Glu Tyr Asp Val Leu Val Gly Ile Asn Leu Leu	
535 540 545	
cgt gag ggc ctt gac ctg cca gaa gtc tct ctg gtt gcg att ctc gac	1795

```

Arg Glu Gly Leu Asp Leu Pro Glu Val Ser Leu Val Ala Ile Leu Asp
550                               555                               560                               565

gcc gac aag gaa ggc ttc ctg cgc tcc acc acc tca ctg att cag acc      1843
Ala Asp Lys Glu Gly Phe Leu Arg Ser Thr Thr Ser Leu Ile Gln Thr
                               570                               575                               580

att ggc cgc gcc gcc cga aat gtg tcc ggc gag gtc atc atg tac gcc      1891
Ile Gly Arg Ala Ala Arg Asn Val Ser Gly Glu Val Ile Met Tyr Ala
                               585                               590                               595

gac aag atc act gat tcg atg cag tat gcc atc gag gaa acc gat cga      1939
Asp Lys Ile Thr Asp Ser Met Gln Tyr Ala Ile Glu Glu Thr Asp Arg
                               600                               605                               610

cgc cgt gaa aag cag gtc gct tat aac aag gaa cac ggc atc gat ccg      1987
Arg Arg Glu Lys Gln Val Ala Tyr Asn Lys Glu His Gly Ile Asp Pro
                               615                               620                               625

cag ccg ctt cga aag aaa atc gcg gac atc ctc gac cag gtc tat gac      2035
Gln Pro Leu Arg Lys Lys Ile Ala Asp Ile Leu Asp Gln Val Tyr Asp
630                               635                               640                               645

aat tcc gct gat gga gca gga cct tct gcc tct ggc gat gcg gca gtc      2083
Asn Ser Ala Asp Gly Ala Gly Pro Ser Ala Ser Gly Asp Ala Ala Val
                               650                               655                               660

gtg gct aaa cct gac gtg tct agc atg ccc gcc aaa gaa gtg caa aag      2131
Val Ala Lys Pro Asp Val Ser Ser Met Pro Ala Lys Glu Val Gln Lys
                               665                               670                               675

ctt atc gac gac ctc agc gct cag atg gct gcg gcc gcg cgg gag ctc      2179
Leu Ile Asp Asp Leu Ser Ala Gln Met Ala Ala Ala Ala Arg Glu Leu
                               680                               685                               690

aag ttc gag ctg gca ggg cgt ctg cga gat gag atc ttc gag ctc aag      2227
Lys Phe Glu Leu Ala Gly Arg Leu Arg Asp Glu Ile Phe Glu Leu Lys
                               695                               700                               705

aag gaa ctg aga ggt atc aag gat gcc ggc atc taagtcagct tgctcactta 2280
Lys Glu Leu Arg Gly Ile Lys Asp Ala Gly Ile
710                               715                               720

aagcttcgaa                                                                2290

```

<210> 78

<211> 720

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 78

```

Leu Leu Ala Arg Cys Phe Ala Ala Gly Arg Asn Val Ser Thr Leu Trp
 1                               5                               10                               15

Arg Ile Leu Glu Cys Met Ala Phe Ala Ala Glu His Pro Val Leu Ser
                20                               25                               30

His Ser Glu His Arg Pro Val Gly Glu Ile Glu Arg Ser Asp Asp Lys
    35                               40                               45

Phe Val Val Val Ser Glu Phe Glu Pro Ala Gly Asp Gln Pro Ala Ala

```

50					55					60					
Ile	Lys	Glu	Leu	Asp	Glu	Arg	Leu	Asp	Arg	Gly	Glu	Arg	Asp	Val	Val
65					70					75					80
Leu	Met	Gly	Ala	Thr	Gly	Thr	Gly	Lys	Ser	Ala	Thr	Ala	Ala	Trp	Leu
				85					90					95	
Ile	Glu	Lys	Gln	Gln	Arg	Pro	Ala	Leu	Val	Met	Ala	Pro	Asn	Lys	Thr
			100					105					110		
Leu	Ala	Ala	Gln	Leu	Ala	Asn	Glu	Leu	Arg	Gln	Leu	Leu	Pro	Asn	Asn
			115				120					125			
Ala	Val	Glu	Tyr	Phe	Val	Ser	Tyr	Tyr	Asp	Tyr	Tyr	Gln	Pro	Glu	Ala
			130			135					140				
Tyr	Ile	Ala	Gln	Thr	Asp	Thr	Tyr	Ile	Glu	Lys	Asp	Ser	Ser	Ile	Asn
145					150					155					160
Glu	Asp	Val	Glu	Arg	Leu	Arg	His	Ser	Ala	Thr	Ser	Ser	Leu	Leu	Ser
				165					170					175	
Arg	Arg	Asp	Val	Val	Val	Ser	Ser	Val	Ser	Cys	Ile	Tyr	Gly	Leu	
			180				185					190			
Gly	Thr	Pro	Gln	Ser	Tyr	Leu	Asp	Arg	Ser	Val	Val	Leu	Asn	Val	Gly
		195					200					205			
Glu	Glu	Ile	Asp	Arg	Asp	Arg	Phe	Leu	Arg	Leu	Leu	Val	Asp	Ile	Gln
		210				215					220				
Tyr	Glu	Arg	Asn	Asp	Val	Gly	Phe	Thr	Arg	Gly	Ala	Phe	Arg	Val	Lys
225					230					235					240
Gly	Asp	Thr	Val	Asp	Ile	Ile	Pro	Ala	Tyr	Glu	Glu	Leu	Ala	Val	Arg
				245					250					255	
Ile	Glu	Phe	Phe	Gly	Asp	Glu	Ile	Asp	Ala	Leu	Tyr	Tyr	Ile	His	Pro
			260					265					270		
Leu	Thr	Gly	Asp	Thr	Ile	Arg	Gln	Val	Asn	Glu	Ile	Arg	Ile	Phe	Pro
		275					280					285			
Ala	Thr	His	Tyr	Val	Ala	Gly	Pro	Glu	Arg	Met	Glu	Lys	Ala	Val	Ala
						295					300				
Asp	Ile	Lys	Ala	Glu	Leu	Glu	Val	Arg	Leu	Ala	Asp	Leu	Glu	Asn	Arg
305					310					315					320
Gly	Lys	Leu	Leu	Glu	Ala	Gln	Arg	Leu	Arg	Met	Arg	Thr	Glu	Tyr	Asp
				325					330					335	
Leu	Glu	Met	Ile	Glu	Gln	Val	Gly	Phe	Cys	Ser	Gly	Ile	Glu	Asn	Tyr
			340					345					350		
Ser	Arg	His	Ile	Asp	Gly	Arg	Gly	Glu	Gly	Thr	Ala	Pro	Ala	Thr	Leu
			355				360					365			
Ile	Asp	Tyr	Phe	Pro	Glu	Asp	Phe	Leu	Thr	Ile	Ile	Asp	Glu	Ser	His
						375					380				
Val	Thr	Val	Pro	Gln	Ile	Gly	Gly	Met	Phe	Glu	Gly	Asp	Met	Ser	Arg
385						390					395				400

Lys Arg Asn Leu Val Glu Phe Gly Phe Arg Leu Pro Ser Ala Met Asp
 405 410 415
 Asn Arg Pro Leu Thr Trp Glu Glu Phe Asp Glu Arg Arg Gly Gln Thr
 420 425 430
 Val Phe Met Ser Ala Thr Pro Gly Lys Phe Glu Ile Ala Ala Asp
 435 440 445
 Gly Glu Phe Val Glu Gln Val Ile Arg Pro Thr Gly Leu Val Asp Pro
 450 455 460
 Lys Val Thr Val Lys Pro Thr Lys Gly Gln Ile Asp Asp Leu Ile His
 465 470 475 480
 Glu Ile Arg Gln Arg Thr Asp Lys Asp Glu Arg Val Leu Val Thr Thr
 485 490 495
 Leu Thr Lys Lys Met Ala Glu Asp Leu Thr Asp Tyr Leu Leu Glu Asn
 500 505 510
 Gly Ile Arg Val Arg Tyr Leu His Ser Asp Ile Asp Thr Leu Gln Arg
 515 520 525
 Val Glu Leu Leu Arg Gln Leu Arg Leu Gly Glu Tyr Asp Val Leu Val
 530 535 540
 Gly Ile Asn Leu Leu Arg Glu Gly Leu Asp Leu Pro Glu Val Ser Leu
 545 550 555 560
 Val Ala Ile Leu Asp Ala Asp Lys Glu Gly Phe Leu Arg Ser Thr Thr
 565 570 575
 Ser Leu Ile Gln Thr Ile Gly Arg Ala Ala Arg Asn Val Ser Gly Glu
 580 585 590
 Val Ile Met Tyr Ala Asp Lys Ile Thr Asp Ser Met Gln Tyr Ala Ile
 595 600 605
 Glu Glu Thr Asp Arg Arg Arg Glu Lys Gln Val Ala Tyr Asn Lys Glu
 610 615 620
 His Gly Ile Asp Pro Gln Pro Leu Arg Lys Lys Ile Ala Asp Ile Leu
 625 630 635 640
 Asp Gln Val Tyr Asp Asn Ser Ala Asp Gly Ala Gly Pro Ser Ala Ser
 645 650 655
 Gly Asp Ala Ala Val Val Ala Lys Pro Asp Val Ser Ser Met Pro Ala
 660 665 670
 Lys Glu Val Gln Lys Leu Ile Asp Asp Leu Ser Ala Gln Met Ala Ala
 675 680 685
 Ala Ala Arg Glu Leu Lys Phe Glu Leu Ala Gly Arg Leu Arg Asp Glu
 690 695 700
 Ile Phe Glu Leu Lys Lys Glu Leu Arg Gly Ile Lys Asp Ala Gly Ile
 705 710 715 720

<211> 1087

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101) .. (1057)

<223> RXA02736

<400> 79

cagaggatta cccagcgggt acgtggggtc caaagagcgc tgatgaaatg ctttcccgca 60

acggtcacac ctggcgcagg ccataattta ggggcaaaaa atg atc ttt gaa ctt 115
Met Ile Phe Glu Leu
1 5

ccg gat acc acc acc cag caa att tcc aag acc cta act cga ctg cgt 163
Pro Asp Thr Thr Thr Gln Gln Ile Ser Lys Thr Leu Thr Arg Leu Arg
10 15 20

gaa tcg ggc acc cag gtc acc acc ggc cga gtg ctc acc ctc atc gtg 211
Glu Ser Gly Thr Gln Val Thr Thr Gly Arg Val Leu Thr Leu Ile Val
25 30 35

gtc act gac tcc gaa agc gat gtc gct gca gtt acc gag tcc acc aat 259
Val Thr Asp Ser Glu Ser Asp Val Ala Ala Val Thr Glu Ser Thr Asn
40 45 50

gaa gcc tcy cgc gag cac cca tct cgc gtg atc att ttg gtg gtt ggc 307
Glu Ala Ser Arg Glu His Pro Ser Arg Val Ile Ile Leu Val Val Gly
55 60 65

gat aaa act gca gaa aac aaa gtt gac gca gaa gtc cgt atc ggt ggc 355
Asp Lys Thr Ala Glu Asn Lys Val Asp Ala Glu Val Arg Ile Gly Gly
70 75 80 85

gag gct ggt gct tcc gag atg atc atc atg cat ctc aac gga cct gtc 403
 Asp Ala Gly Ala Ser Glu Met Ile Ile Met His Leu Asn Gly Pro Val
 90 95 100

gct gac aag ctc cag tat gtc gtc aca cca ctg ttg ctt cct gac acc 451
Ala Asp Lys Leu Gln Tyr Val Val Thr Pro Leu Leu Leu Pro Asp Thr
105 110 115

```

ccc atc gtt gct tgg tgg cca ggt gaa tca cca aag aat cct tcc cag    499
Pro Ile Val Ala Trp Trp Pro Gly Glu Ser Pro Lys Asn Pro Ser Gln
      120                      125                      130

```

gac cca att gga cgc atc gca caa cga cgc atc act gat gct ttg tac 547
Asp Pro Ile Gly Arg Ile Ala Gln Arg Arg Ile Thr Asp Ala Leu Tyr
135 140 145

gac cgt gat gac gca cta gaa gat cgt gtt gag aac tat cac cca ggt 595
Asp Arg Asp Asp Ala Leu Glu Asp Arg Val Glu Asn Tyr His Pro Gly
150 155 160 165

gat acc gac atg acg tgg gcg cgc ctt acc cag tgg cgg gga ctt gtt 643
Asp Thr Asp Met Thr Trp Ala Arg Leu Thr Gln Trp Arg Gly Leu Val
170 175 180

```
gcc tcc tca ttg gat cac cca cca cac agc gaa atc act tcc gtg agg 691
Ala Ser Ser Leu Asp His Pro Pro His Ser Glu Ile Thr Ser Val Arg
      185                      190                      195
```

```

ctg acc ggt gca agc ggc agt acc tcg gtg gat ttg gct gca ggc tgg 739
Leu Thr Gly Ala Ser Gly Ser Thr Ser Val Asp Leu Ala Ala Gly Trp
      200                      205                      210

ttg gcg cgg agg ctg aaa gtg cct gtg atc cgc gag gtg aca gat gct 787
Leu Ala Arg Arg Leu Lys Val Pro Val Ile Arg Glu Val Thr Asp Ala
      215                      220                      225

ccc acc gtg cca acc gat gag ttt ggt act cca ctg ctg gct atc cag 835
Pro Thr Val Pro Thr Asp Glu Phe Gly Thr Pro Leu Leu Ala Ile Gln
      230                      235                      240                      245

cgc ctg gag atc gtt cgc acc acc ggc tcg atc atc atc acc atc tat 883
Arg Leu Glu Ile Val Arg Thr Thr Gly Ser Ile Ile Ile Thr Ile Tyr
      250                      255                      260

gac gct cat acc ctt cag gta gag atg ccg gaa tcc ggc aat gcc cca 931
Asp Ala His Thr Leu Gln Val Glu Met Pro Glu Ser Gly Asn Ala Pro
      265                      270                      275

tcg ctg gtg gct att ggt cgt cga agt gag tcc gac tgc ttg tct gag 979
Ser Leu Val Ala Ile Gly Arg Arg Ser Glu Ser Asp Cys Leu Ser Glu
      280                      285                      290

gag ctt cgc cac atg gat cca gat ttg ggc tac cag cac gca cta tcc 1027
Glu Leu Arg His Met Asp Pro Asp Leu Gly Tyr Gln His Ala Leu Ser
      295                      300                      305

ggc ttg tcc agc gtc aag ctg gaa acc gtc taaggagaaa tacaacacta 1077
Gly Leu Ser Ser Val Lys Leu Glu Thr Val
      310                      315

tggttgatgt 1087

```

```

<210> 80
<211> 319
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

```

```

<400> 80
Met Ile Phe Glu Leu Pro Asp Thr Thr Thr Gln Gln Ile Ser Lys Thr
 1                      5                      10                      15

Leu Thr Arg Leu Arg Glu Ser Gly Thr Gln Val Thr Thr Gly Arg Val
      20                      25                      30

Leu Thr Leu Ile Val Val Thr Asp Ser Glu Ser Asp Val Ala Ala Val
      35                      40                      45

Thr Glu Ser Thr Asn Glu Ala Ser Arg Glu His Pro Ser Arg Val Ile
      50                      55                      60

Ile Leu Val Val Gly Asp Lys Thr Ala Glu Asn Lys Val Asp Ala Glu
      65                      70                      75                      80

Val Arg Ile Gly Gly Asp Ala Gly Ala Ser Glu Met Ile Ile Met His
      85                      90                      95

Leu Asn Gly Pro Val Ala Asp Lys Leu Gln Tyr Val Val Thr Pro Leu
      100                      105                      110

Leu Leu Pro Asp Thr Pro Ile Val Ala Trp Trp Pro Gly Glu Ser Pro

```

115					120					125					
Lys	Asn	Pro	Ser	Gln	Asp	Pro	Ile	Gly	Arg	Ile	Ala	Gln	Arg	Arg	Ile
130					135					140					
Thr	Asp	Ala	Leu	Tyr	Asp	Arg	Asp	Asp	Ala	Leu	Glu	Asp	Arg	Val	Glu
145					150					155					160
Asn	Tyr	His	Pro	Gly	Asp	Thr	Asp	Met	Thr	Trp	Ala	Arg	Leu	Thr	Gln
165					170					175					
Trp	Arg	Gly	Leu	Val	Ala	Ser	Ser	Leu	Asp	His	Pro	Pro	His	Ser	Glu
180					185					190					
Ile	Thr	Ser	Val	Arg	Leu	Thr	Gly	Ala	Ser	Gly	Ser	Thr	Ser	Val	Asp
195					200					205					
Leu	Ala	Ala	Gly	Trp	Leu	Ala	Arg	Arg	Leu	Lys	Val	Pro	Val	Ile	Arg
210					215					220					
Glu	Val	Thr	Asp	Ala	Pro	Thr	Val	Pro	Thr	Asp	Glu	Phe	Gly	Thr	Pro
225					230					235					240
Leu	Leu	Ala	Ile	Gln	Arg	Leu	Glu	Ile	Val	Arg	Thr	Thr	Gly	Ser	Ile
245					250					255					
Ile	Ile	Thr	Ile	Tyr	Asp	Ala	His	Thr	Leu	Gln	Val	Glu	Met	Pro	Glu
260					265					270					
Ser	Gly	Asn	Ala	Pro	Ser	Leu	Val	Ala	Ile	Gly	Arg	Arg	Ser	Glu	Ser
275					280					285					
Asp	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Leu	Arg	His	Met	Asp	Pro	Asp	Leu	Gly	Tyr
290					295					300					
Gln	His	Ala	Leu	Ser	Gly	Leu	Ser	Ser	Val	Lys	Leu	Glu	Thr	Val	
305					310					315					

<210> 81

<211> 2479

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2449)

<223> RXA02742

<400> 81

gtatcggtaa aaggcccaat caaggattct tgggtgggtc tttttccatg cttttcatgc 60

ttcgaacagt	ccagaatagc	cctgacctag	acttagagct	atg	tcc	gaa	caa	aga	115
				Met	Ser	Glu	Gln	Arg	
				1				5	

ctc	gat	cag	ctt	gag	cga	cgg	ctt	tct	gaa	ctg	gaa	cgg	gag	atc	gcc	163
Leu	Asp	Gln	Leu	Glu	Arg	Arg	Leu	Ser	Glu	Leu	Glu	Arg	Glu	Ile	Ala	
				10				15						20		

gcg	att	cgt	cag	gag	atc	cgc	cag	gaa	cgc	cta	gtg	ctt	ccg	gaa	ccg	211
Ala	Ile	Arg	Gln	Glu	Ile	Arg	Gln	Glu	Arg	Leu	Val	Leu	Pro	Glu	Pro	
				25				30					35			

gaa cct gtg aaa gtt gat aca gtc atc gcc acc gaa gcg acc gga gtc	259
Glu Pro Val Lys Val Asp Thr Val Ile Ala Thr Glu Ala Thr Gly Val	
40 45 50	
aat gca tcg tcg ggt ccg gag gcg aag atc gct ttg ttc atg gag agg	307
Asn Ala Ser Ser Gly Pro Glu Ala Lys Ile Ala Leu Phe Met Glu Arg	
55 60 65	
ttt agt ggt cgc cac gat gtg tat gcg cgg cgc tgg acc agc aga aaa	355
Phe Ser Gly Arg His Asp Val Tyr Ala Arg Arg Trp Thr Ser Arg Lys	
70 75 80 85	
acg ggc aaa agt gga tgg tcg ccg gct act cgc cag ggt ttt tac tca	403
Thr Gly Lys Ser Gly Trp Ser Pro Ala Thr Arg Gln Gly Phe Tyr Ser	
90 95 100	
aaa gac acc aca ccg aag gac tat ctc ccc ttc acc gtt gac acc gtc	451
Lys Asp Thr Thr Pro Lys Asp Tyr Leu Pro Phe Thr Val Asp Thr Val	
105 110 115	
aat gcg cat ctg cgc cgg gcc gcc gac cat atc ggt ctc tat gtg atg	499
Asn Ala His Leu Arg Arg Gly Gly Asp His Ile Gly Leu Tyr Val Met	
120 125 130	
gtc ccc atc gac acg tgc aaa ctt ctc gcc tgc gat ttc gac gat gcc	547
Val Pro Ile Asp Thr Cys Lys Leu Leu Ala Cys Asp Phe Asp Asp Gly	
135 140 145	
acc tgg aag caa gat gcg gcc gct ttc gtg tca gcc tgc acc gac cac	595
Thr Trp Lys Gln Asp Ala Ala Ala Phe Val Ser Ala Cys Thr Asp His	
150 155 160 165	
gga atc gat gcg ttg gct gaa att tct cga tcc gac gac gcc gcc ccc	643
Gly Ile Asp Ala Leu Ala Glu Ile Ser Arg Ser Asp Asp Gly Ala Pro	
170 175 180	
gtg tgg ata ttt ttc gat acc cca atc tcc gcg atg ctg gct cgg cgc	691
Val Trp Ile Phe Phe Asp Thr Pro Ile Ser Ala Met Leu Ala Arg Arg	
185 190 195	
cta ggt ttt gcc atg ctc cgc caa gcc atg aac tcc cgc cct gac atg	739
Leu Gly Phe Ala Met Leu Arg Gln Ala Met Asn Ser Arg Pro Asp Met	
200 205 210	
gat atg tct tct tat gat cgc ttc ttc cct gct caa gac acc atc gca	787
Asp Met Ser Ser Tyr Asp Arg Phe Phe Pro Ala Gln Asp Thr Ile Ala	
215 220 225	
acg cgc gca aac gga agc gca cgg ctg gga aat ttg atc gcg ctg ccc	835
Thr Arg Ala Asn Gly Ser Ala Arg Leu Gly Asn Leu Ile Ala Leu Pro	
230 235 240 245	
ctc aac ggc gac tgt cga gcc cgc aac acc gcc gtc ttc gcc gat tcg	883
Leu Asn Gly Asp Cys Arg Ala Arg Asn Thr Ala Val Phe Ala Asp Ser	
250 255 260	
gaa acg tgg gtt ccc ttc gaa gat cct ttc gca gcg ctc gcg gcc atc	931
Glu Thr Trp Val Pro Phe Glu Asp Pro Phe Ala Ala Leu Ala Ala Ile	
265 270 275	
acg cca cta gcc acc gaa aaa atc gag cag atc ctt gcc acc acg cag	979
Thr Pro Leu Ala Thr Glu Lys Ile Glu Gln Ile Leu Ala Thr Thr Gln	
280 285 290	

gaa aaa ttt ggc ccc gaa ccc gaa cac atc aaa cgc ccc acc cgc gcc	1027
Glu Lys Phe Gly Pro Glu Pro Glu His Ile Lys Arg Pro Thr Arg Ala	
295 300 305	
gaa ctc aaa cag gtt aaa gcc aac ggc gaa acc atc aaa ctc acc atc	1075
Glu Leu Lys Gln Val Lys Ala Asn Gly Glu Thr Ile Lys Leu Thr Ile	
310 315 320 325	
acc aac gag ctg agc gtc ccc acc gaa agg tta ccc gcg gcc gtc atc	1123
Thr Asn Glu Leu Ser Val Pro Thr Glu Arg Leu Pro Ala Ala Val Ile	
330 335 340	
gcg gag att aaa cac cgg gcg gta atc cca aac cct gag ttt tat cgt	1171
Ala Glu Ile Lys His Arg Ala Val Ile Pro Asn Pro Glu Phe Tyr Arg	
345 350 355	
cga caa gcg caa aga ttt tcg acc ttc ggc gtg ccg cgc atc gtc atc	1219
Arg Gln Ala Gln Arg Phe Ser Thr Phe Gly Val Pro Arg Ile Val Ile	
360 365 370	
cgc ttc gcc cag gcc gag cag cgc ttg ctg ctc cca cgc ggg ctt gtc	1267
Arg Phe Ala Gln Ala Glu Gln Arg Leu Leu Leu Pro Arg Gly Leu Val	
375 380 385	
gac gac acc ctc cgg atc ctc acc ctc gcc ggg tac aaa gtc agc gtc	1315
Asp Asp Thr Leu Arg Ile Leu Thr Leu Ala Gly Tyr Lys Val Ser Val	
390 395 400 405	
atc tgg cct cgg caa act cgg aaa acc atc gac gcg tct ttc gag ggc	1363
Ile Trp Pro Arg Gln Thr Arg Lys Thr Ile Asp Ala Ser Phe Glu Gly	
410 415 420	
gaa ttg cga tcc atg caa caa gag gga atc gac tcg ctc aaa ggc caa	1411
Glu Leu Arg Ser Met Gln Gln Glu Gly Ile Asp Ser Leu Lys Gly Gln	
425 430 435	
cgc acc ggc gta ttg gta gca ccg ccg ggc gct gga aaa aca gtg atg	1459
Arg Thr Gly Val Leu Val Ala Pro Pro Gly Ala Gly Lys Thr Val Met	
440 445 450	
gcc tgt gca ctc atc gcg aac aga aaa atc ccc acc gca gtg ata gtc	1507
Ala Cys Ala Leu Ile Ala Asn Arg Lys Ile Pro Thr Ala Val Ile Val	
455 460 465	
aac cgt gca gaa ttg att tcc caa tgg cgg gat cgt ctc gcg caa tac	1555
Asn Arg Ala Glu Leu Ile Ser Gln Trp Arg Asp Arg Leu Ala Gln Tyr	
470 475 480 485	
ctg agc atc gac gca gac tcc atc gga cag atc ggc gcg ggc cga cgc	1603
Leu Ser Ile Asp Ala Asp Ser Ile Gly Gln Ile Gly Ala Gly Arg Arg	
490 495 500	
aaa acc acc gga att atc gat ctc atc acc gtc caa tcc ttg agc cgt	1651
Lys Thr Thr Gly Ile Ile Asp Leu Ile Thr Val Gln Ser Leu Ser Arg	
505 510 515	
aaa gat tcc gat ccg aaa att ttg gaa caa tac ggc caa atc atc gtc	1699
Lys Asp Ser Asp Pro Lys Ile Leu Glu Gln Tyr Gly Gln Ile Ile Val	
520 525 530	
gac gag tgc cac aac atc gca gcc cca ggc gcc gaa gcc gca ttg aac	1747
Asp Glu Cys His Asn Ile Ala Ala Pro Gly Ala Glu Ala Ala Leu Asn	
535 540 545	

cag gtc aag gcc ccc tac tgg ctg ggt cta acc gcc acg ccg ttt cgt	1795
Gln Val Lys Ala Pro Tyr Trp Leu Gly Leu Thr Ala Thr Pro Phe Arg	
550 555 560 565	
tca gac cac atg gat gaa atc atc acc atg cag tgc ggt cct gtg cgc	1843
Ser Asp His Met Asp Glu Ile Ile Thr Met Gln Cys Gly Pro Val Arg	
570 575 580	
cac cgc atg gaa gtg gca aca gac aat gaa cag cgc ttg att cac atc	1891
His Arg Met Glu Val Ala Thr Asp Asn Glu Gln Arg Leu Ile His Ile	
585 590 595	
cac gaa acc tct ttc gac tct gag gaa acc acc gaa atc cag gat ctc	1939
His Glu Thr Ser Phe Asp Ser Glu Glu Thr Thr Glu Ile Gln Asp Leu	
600 605 610	
tac aat gag ctc gcg gtc gat tct gcc cga aat gcg caa atc act gcc	1987
Tyr Asn Glu Leu Ala Val Asp Ser Ala Arg Asn Ala Gln Ile Thr Ala	
615 620 625	
gaa gtg cac aaa gcg ctt gaa gct ggc gac cga tgt cta gtt ttg gtc	2035
Glu Val His Lys Ala Leu Glu Ala Gly Asp Arg Cys Leu Val Leu Val	
630 635 640 645	
aac cga att gca gcc ctt gaa gca ctg acc agc agt att acc gaa tct	2083
Asn Arg Ile Ala Ala Leu Glu Ala Leu Thr Ser Ser Ile Thr Glu Ser	
650 655 660	
ggc gat cac act gtc tta gtg atg cat ggc cgc caa acc caa gag gag	2131
Gly Asp His Thr Val Leu Val Met His Gly Arg Gln Thr Gln Glu Glu	
665 670 675	
cga gtt cac ctt cgt gcg caa ctt gcc tca ttg agt gaa aag cag gat	2179
Arg Val His Leu Arg Ala Gln Leu Ala Ser Leu Ser Glu Lys Gln Asp	
680 685 690	
ccg ttt gta ctg gtc gcg atg aat aaa gtc gcc ggc gaa ggc ctt gac	2227
Pro Phe Val Leu Val Ala Met Asn Lys Val Ala Gly Glu Gly Leu Asp	
695 700 705	
atc ccc agc ctc aac acg ctg ttt ttg gca gcg ccg gtg tcc ttc aag	2275
Ile Pro Ser Leu Asn Thr Leu Phe Leu Ala Ala Pro Val Ser Phe Lys	
710 715 720 725	
ggg ctg gtg att cag caa atc ggc cga gtt act cgc gca acc ggt gat	2323
Gly Leu Val Ile Gln Gln Ile Gly Arg Val Thr Arg Ala Thr Gly Asp	
730 735 740	
caa aac gct cct ccg gtg act gcc acg gtc cat gat ttt gtt gat tcc	2371
Gln Asn Ala Pro Pro Val Thr Ala Thr Val His Asp Phe Val Asp Ser	
745 750 755	
aag att ccg aca ctc aaa cgc atg cac ggt cgc cga ttg cgg gct atg	2419
Lys Ile Pro Thr Leu Lys Arg Met His Gly Arg Arg Leu Arg Ala Met	
760 765 770	
caa aag gaa gga ttc gct gtt tcg gag cct tgaggaggac cagaccaaac	2469
Gln Lys Glu Gly Phe Ala Val Ser Glu Pro	
775 780	
cagcgtgccc	2479

<211> 783

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 82

```

Met Ser Glu Gln Arg Leu Asp Gln Leu Glu Arg Arg Leu Ser Glu Leu
  1              5              10              15

Glu Arg Glu Ile Ala Ala Ile Arg Gln Glu Ile Arg Gln Glu Arg Leu
      20              25              30

Val Leu Pro Glu Pro Glu Pro Val Lys Val Asp Thr Val Ile Ala Thr
      35              40              45

Glu Ala Thr Gly Val Asn Ala Ser Ser Gly Pro Glu Ala Lys Ile Ala
      50              55              60

Leu Phe Met Glu Arg Phe Ser Gly Arg His Asp Val Tyr Ala Arg Arg
      65              70              75              80

Trp Thr Ser Arg Lys Thr Gly Lys Ser Gly Trp Ser Pro Ala Thr Arg
      85              90              95

Gln Gly Phe Tyr Ser Lys Asp Thr Thr Pro Lys Asp Tyr Leu Pro Phe
      100             105             110

Thr Val Asp Thr Val Asn Ala His Leu Arg Arg Gly Gly Asp His Ile
      115             120             125

Gly Leu Tyr Val Met Val Pro Ile Asp Thr Cys Lys Leu Leu Ala Cys
      130             135             140

Asp Phe Asp Asp Gly Thr Trp Lys Gln Asp Ala Ala Ala Phe Val Ser
      145             150             155             160

Ala Cys Thr Asp His Gly Ile Asp Ala Leu Ala Glu Ile Ser Arg Ser
      165             170             175

Asp Asp Gly Ala Pro Val Trp Ile Phe Phe Asp Thr Pro Ile Ser Ala
      180             185             190

Met Leu Ala Arg Arg Leu Gly Phe Ala Met Leu Arg Gln Ala Met Asn
      195             200             205

Ser Arg Pro Asp Met Asp Met Ser Ser Tyr Asp Arg Phe Phe Pro Ala
      210             215             220

Gln Asp Thr Ile Ala Thr Arg Ala Asn Gly Ser Ala Arg Leu Gly Asn
      225             230             235             240

Leu Ile Ala Leu Pro Leu Asn Gly Asp Cys Arg Ala Arg Asn Thr Ala
      245             250             255

Val Phe Ala Asp Ser Glu Thr Trp Val Pro Phe Glu Asp Pro Phe Ala
      260             265             270

Ala Leu Ala Ala Ile Thr Pro Leu Ala Thr Glu Lys Ile Glu Gln Ile
      275             280             285

Leu Ala Thr Thr Gln Glu Lys Phe Gly Pro Glu Pro Glu His Ile Lys
      290             295             300

Arg Pro Thr Arg Ala Glu Leu Lys Gln Val Lys Ala Asn Gly Glu Thr

```

305		310		315		320
Ile Lys Leu Thr	Ile Thr Asn Glu Leu Ser Val Pro Thr Glu Arg Leu					
	325			330		335
Pro Ala Ala Val	Ile Ala Glu Ile Lys His Arg Ala Val Ile Pro Asn					
	340		345			350
Pro Glu Phe Tyr	Arg Arg Gln Ala Gln Arg Phe Ser Thr Phe Gly Val					
	355		360			365
Pro Arg Ile Val	Ile Arg Phe Ala Gln Ala Glu Gln Arg Leu Leu Leu					
	370		375			380
Pro Arg Gly Leu	Val Asp Asp Thr Leu Arg Ile Leu Thr Leu Ala Gly					
	385		390			395
Tyr Lys Val Ser	Val Ile Trp Pro Arg Gln Thr Arg Lys Thr Ile Asp					
	405			410		415
Ala Ser Phe Glu	Gly Glu Leu Arg Ser Met Gln Gln Glu Gly Ile Asp					
	420		425			430
Ser Leu Lys Gly	Gln Arg Thr Gly Val Leu Val Ala Pro Pro Gly Ala					
	435		440			445
Gly Lys Thr Val	Met Ala Cys Ala Leu Ile Ala Asn Arg Lys Ile Pro					
	450		455			460
Thr Ala Val Ile	Val Asn Arg Ala Glu Leu Ile Ser Gln Trp Arg Asp					
	465		470			475
Arg Leu Ala Gln	Tyr Leu Ser Ile Asp Ala Asp Ser Ile Gly Gln Ile					
	485		490			495
Gly Ala Gly Arg	Arg Lys Thr Thr Gly Ile Ile Asp Leu Ile Thr Val					
	500		505			510
Gln Ser Leu Ser	Arg Lys Asp Ser Asp Pro Lys Ile Leu Glu Gln Tyr					
	515		520			525
Gly Gln Ile Ile	Val Asp Glu Cys His Asn Ile Ala Ala Pro Gly Ala					
	530		535			540
Glu Ala Ala Leu	Asn Gln Val Lys Ala Pro Tyr Trp Leu Gly Leu Thr					
	545		550			555
Ala Thr Pro Phe	Arg Ser Asp His Met Asp Glu Ile Ile Thr Met Gln					
	565		570			575
Cys Gly Pro Val	Arg His Arg Met Glu Val Ala Thr Asp Asn Glu Gln					
	580		585			590
Arg Leu Ile His	Ile His Glu Thr Ser Phe Asp Ser Glu Glu Thr Thr					
	595		600			605
Glu Ile Gln Asp	Leu Tyr Asn Glu Leu Ala Val Asp Ser Ala Arg Asn					
	610		615			620
Ala Gln Ile Thr	Ala Glu Val His Lys Ala Leu Glu Ala Gly Asp Arg					
	625		630			635
Cys Leu Val Leu	Val Asn Arg Ile Ala Ala Leu Glu Ala Leu Thr Ser					
	645		650			655

Ser Ile Thr Glu Ser Gly Asp His Thr Val Leu Val Met His Gly Arg
660 665 670

Gln Thr Gln Glu Glu Arg Val His Leu Arg Ala Gln Leu Ala Ser Leu
675 680 685

Ser Glu Lys Gln Asp Pro Phe Val Leu Val Ala Met Asn Lys Val Ala
690 695 700

Gly Glu Gly Leu Asp Ile Pro Ser Leu Asn Thr Leu Phe Leu Ala Ala
705 710 715 720

Pro Val Ser Phe Lys Gly Leu Val Ile Gln Gln Ile Gly Arg Val Thr
725 730 735

Arg Ala Thr Gly Asp Gln Asn Ala Pro Pro Val Thr Ala Thr Val His
740 745 750

Asp Phe Val Asp Ser Lys Ile Pro Thr Leu Lys Arg Met His Gly Arg
755 760 765

Arg Leu Arg Ala Met Gln Lys Glu Gly Phe Ala Val Ser Glu Pro
770 775 780

<210> 83

<211> 1771

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1741)

<223> RXA02748

<400> 83

caggtcggtg gcaggtagct gacgtgacct gagcgggggc aaccgggctaa catgtaggga 60

ttagcaaccc cgcactctag aacctactgg gagttcattc gtg ttt gag tca ctg 115
Val Phe Glu Ser Leu
1 5

tcc gat cgg ttg aat agc gcg ctt tcc ggc ctg cgc ggc aaa gga aag 163
Ser Asp Arg Leu Asn Ser Ala Leu Ser Gly Leu Arg Gly Lys Gly Lys
10 15 20

ctc acc gag gca gac atc aat gca acc aca cgc gag atc cgt ctc gcg 211
Leu Thr Glu Ala Asp Ile Asn Ala Thr Thr Arg Glu Ile Arg Leu Ala
25 30 35

ctg ctg gaa gct gac gtt tca tta acg gtt gtt cgt gcc ttc att aac 259
Leu Leu Glu Ala Asp Val Ser Leu Thr Val Val Arg Ala Phe Ile Asn
40 45 50

cga atc aag gaa cgc gcc gct ggt gca gaa gtt tct cag gca ctc aac 307
Arg Ile Lys Glu Arg Ala Ala Gly Ala Glu Val Ser Gln Ala Leu Asn
55 60 65

ccc gcg cag caa gtc atc aag atc gtc aac gag gaa ctg gtt cag atc 355
Pro Ala Gln Gln Val Ile Lys Ile Val Asn Glu Glu Leu Val Gln Ile
70 75 80 85

ctc ggt ggc gaa acc cgc cga ctg tca ctg gcc aaa aac cca ccg acc 403

Leu	Gly	Gly	Glu	Thr	Arg	Arg	Leu	Ser	Leu	Ala	Lys	Asn	Pro	Pro	Thr	
				90					95					100		
gtc	atc	atg	ctg	gca	ggc	ctg	cag	ggc	gca	ggc	aag	acc	acc	ctc	gca	451
Val	Ile	Met	Leu	Ala	Gly	Leu	Gln	Gly	Ala	Gly	Lys	Thr	Thr	Leu	Ala	
			105					110					115			
ggc	aaa	ctg	tcc	aag	cac	ctg	gtc	aag	cag	ggc	cac	act	cct	atg	ctt	499
Gly	Lys	Leu	Ser	Lys	His	Leu	Val	Lys	Gln	Gly	His	Thr	Pro	Met	Leu	
		120					125					130				
gtt	gcc	tgt	gac	ctt	cag	cgt	cca	ggc	gca	gtt	cag	cag	ctg	caa	att	547
Val	Ala	Cys	Asp	Leu	Gln	Arg	Pro	Gly	Ala	Val	Gln	Gln	Leu	Gln	Ile	
	135					140					145					
gtg	ggc	gaa	cgc	gca	ggc	gtt	acc	act	ttc	gca	ccg	gat	cca	ggc	acc	595
Val	Gly	Glu	Arg	Ala	Gly	Val	Thr	Thr	Phe	Ala	Pro	Asp	Pro	Gly	Thr	
150					155					160					165	
agc	atc	gac	tcc	ctc	gag	cac	gaa	atg	ggc	acc	tcc	cac	ggc	gat	cca	643
Ser	Ile	Asp	Ser	Leu	Glu	His	Glu	Met	Gly	Thr	Ser	His	Gly	Asp	Pro	
			170						175					180		
gtc	gag	gta	gcg	cgc	gca	ggc	atc	gaa	gaa	gcc	aag	cgc	acc	cag	cac	691
Val	Glu	Val	Ala	Arg	Ala	Gly	Ile	Glu	Glu	Ala	Lys	Arg	Thr	Gln	His	
			185					190					195			
gac	atc	gtg	atc	gtg	gat	acc	gca	ggc	cgc	ctc	ggc	atc	gat	gaa	acc	739
Asp	Ile	Val	Ile	Val	Asp	Thr	Ala	Gly	Arg	Leu	Gly	Ile	Asp	Glu	Thr	
		200					205					210				
ctg	atg	act	cag	gca	cgc	aac	atc	cgc	gaa	gcc	atc	aac	cct	gat	gaa	787
Leu	Met	Thr	Gln	Ala	Arg	Asn	Ile	Arg	Glu	Ala	Ile	Asn	Pro	Asp	Glu	
	215					220					225					
gtg	ctc	ttt	gtc	att	gac	tcc	atg	att	ggc	caa	gac	gcc	gta	gac	acc	835
Val	Leu	Phe	Val	Ile	Asp	Ser	Met	Ile	Gly	Gln	Asp	Ala	Val	Asp	Thr	
230					235					240				245		
gcc	gaa	gca	ttc	cgc	gac	ggc	gtc	gac	ttc	acc	ggc	gtt	gtc	ctg	acc	883
Ala	Glu	Ala	Phe	Arg	Asp	Gly	Val	Asp	Phe	Thr	Gly	Val	Val	Leu	Thr	
			250						255					260		
aag	ctt	gat	ggc	gac	gcc	cgc	ggc	ggc	gct	gca	cta	tcc	atc	cgt	gaa	931
Lys	Leu	Asp	Gly	Asp	Ala	Arg	Gly	Gly	Ala	Ala	Leu	Ser	Ile	Arg	Glu	
			265					270					275			
gtc	acc	ggc	aag	ccc	atc	atg	ttt	gcc	tcc	act	ggc	gaa	aaa	ctc	gac	979
Val	Thr	Gly	Lys	Pro	Ile	Met	Phe	Ala	Ser	Thr	Gly	Glu	Lys	Leu	Asp	
		280					285					290				
gac	ttc	gac	gtc	ttc	cac	cca	gag	cgc	atg	gcc	agc	cga	atc	ctg	ggc	1027
Asp	Phe	Asp	Val	Phe	His	Pro	Glu	Arg	Met	Ala	Ser	Arg	Ile	Leu	Gly	
	295					300					305					
atg	ggc	gac	gta	ctg	tca	ctc	atc	gag	cag	gcc	gaa	gca	gtc	atg	gat	1075
Met	Gly	Asp	Val	Leu	Ser	Leu	Ile	Glu	Gln	Ala	Glu	Ala	Val	Met	Asp	
310					315					320					325	
cag	gaa	aag	gca	gag	gtc	gct	gcc	cag	aag	ttg	ggc	tcc	ggc	gag	ctc	1123
Gln	Glu	Lys	Ala	Glu	Val	Ala	Ala	Gln	Lys	Leu	Gly	Ser	Gly	Glu	Leu	
			330					335						340		
acc	ctg	gaa	gac	ttc	ctt	gac	caa	atg	ctg	atg	atc	cgc	cgc	atg	gga	1171

Thr	Leu	Glu	Asp	Phe	Leu	Asp	Gln	Met	Leu	Met	Ile	Arg	Arg	Met	Gly		
			345					350						355			
cca	atc	ggc	aac	atc	ctc	aag	atg	ctg	cct	ggc	ggc	aag	cag	atg	tcc	1219	
Pro	Ile	Gly	Asn	Ile	Leu	Lys	Met	Leu	Pro	Gly	Gly	Lys	Gln	Met	Ser		
		360					365					370					
caa	atg	gcg	gac	atg	gtt	gat	gag	aag	caa	ctc	gac	cgc	atc	cag	gcg	1267	
Gln	Met	Ala	Asp	Met	Val	Asp	Glu	Lys	Gln	Leu	Asp	Arg	Ile	Gln	Ala		
		375				380					385						
att	atc	cgc	ggc	atg	acc	ccg	gcc	gag	cgc	gat	aat	cca	aag	atc	ctc	1315	
Ile	Ile	Arg	Gly	Met	Thr	Pro	Ala	Glu	Arg	Asp	Asn	Pro	Lys	Ile	Leu		
390					395					400					405		
aac	gct	tcc	agg	cgc	aag	cgc	atc	gcc	aac	ggc	tcc	ggc	gtg	acc	gtg	1363	
Asn	Ala	Ser	Arg	Arg	Lys	Arg	Ile	Ala	Asn	Gly	Ser	Gly	Val	Thr	Val		
			410						415					420			
tcc	gaa	gta	aac	aaa	ctt	gtt	gaa	cgc	ttc	ttc	gag	gct	cgc	aag	atg	1411	
Ser	Glu	Val	Asn	Lys	Leu	Val	Glu	Arg	Phe	Phe	Glu	Ala	Arg	Lys	Met		
		425					430						435				
atg	ggc	caa	atg	gct	ggc	cag	ttt	ggc	atg	ggc	cct	gga	tcc	cgc	agt	1459	
Met	Gly	Gln	Met	Ala	Gly	Gln	Phe	Gly	Met	Gly	Pro	Gly	Ser	Arg	Ser		
		440				445						450					
gca	acc	aag	aag	caa	gcc	aag	ggc	cgc	aag	ggc	aag	aac	ggc	aag	cgt	1507	
Ala	Thr	Lys	Lys	Gln	Ala	Lys	Gly	Arg	Lys	Gly	Lys	Asn	Gly	Lys	Arg		
		455				460					465						
aaa	cca	gcc	aag	aag	ggc	cca	acc	cag	cca	aag	atg	cca	atg	ggc	ggc	1555	
Lys	Pro	Ala	Lys	Lys	Gly	Pro	Thr	Gln	Pro	Lys	Met	Pro	Met	Gly	Gly		
470					475					480					485		
atg	cca	gga	atg	cct	ggg	atg	ccg	ggc	atg	ggc	gga	gcc	gga	atg	cct	1603	
Met	Pro	Gly	Met	Pro	Gly	Met	Pro	Gly	Met	Gly	Gly	Ala	Gly	Met	Pro		
				490					495					500			
gac	ctt	gct	gaa	cta	cag	aag	cag	ctt	ggc	gga	gca	ggc	ggc	ggc	atg	1651	
Asp	Leu	Ala	Glu	Leu	Gln	Lys	Gln	Leu	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Met		
		505					510						515				
gga	ggc	ctt	ggc	gga	ctc	ccg	ggc	atg	cca	aag	ccg	cct	aaa	ggc		1699	
Gly	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Leu	Pro	Gly	Met	Pro	Lys	Pro	Pro	Lys	Gly		
		520				525					530						
atg	gag	aac	ata	gat	ctc	aac	aac	cta	gac	ttc	ggc	aag	aag			1741	
Met	Glu	Asn	Ile	Asp	Leu	Asn	Asn	Leu	Asp	Phe	Gly	Lys	Lys				
		535				540					545						
taactttgct	ttagttggc	ggcgc	catcac													1771	

<210> 84

<211> 547

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 84

Val	Phe	Glu	Ser	Leu	Ser	Asp	Arg	Leu	Asn	Ser	Ala	Leu	Ser	Gly	Leu
1				5					10					15	

Arg Gly Lys Gly Lys Leu Thr Glu Ala Asp Ile Asn Ala Thr Thr Arg
 20 25 30
 Glu Ile Arg Leu Ala Leu Leu Glu Ala Asp Val Ser Leu Thr Val Val
 35 40 45
 Arg Ala Phe Ile Asn Arg Ile Lys Glu Arg Ala Ala Gly Ala Glu Val
 50 55 60
 Ser Gln Ala Leu Asn Pro Ala Gln Gln Val Ile Lys Ile Val Asn Glu
 65 70 75 80
 Glu Leu Val Gln Ile Leu Gly Gly Glu Thr Arg Arg Leu Ser Leu Ala
 85 90 95
 Lys Asn Pro Pro Thr Val Ile Met Leu Ala Gly Leu Gln Gly Ala Gly
 100 105 110
 Lys Thr Thr Leu Ala Gly Lys Leu Ser Lys His Leu Val Lys Gln Gly
 115 120 125
 His Thr Pro Met Leu Val Ala Cys Asp Leu Gln Arg Pro Gly Ala Val
 130 135 140
 Gln Gln Leu Gln Ile Val Gly Glu Arg Ala Gly Val Thr Thr Phe Ala
 145 150 155 160
 Pro Asp Pro Gly Thr Ser Ile Asp Ser Leu Glu His Glu Met Gly Thr
 165 170 175
 Ser His Gly Asp Pro Val Glu Val Ala Arg Ala Gly Ile Glu Glu Ala
 180 185 190
 Lys Arg Thr Gln His Asp Ile Val Ile Val Asp Thr Ala Gly Arg Leu
 195 200 205
 Gly Ile Asp Glu Thr Leu Met Thr Gln Ala Arg Asn Ile Arg Glu Ala
 210 215 220
 Ile Asn Pro Asp Glu Val Leu Phe Val Ile Asp Ser Met Ile Gly Gln
 225 230 235 240
 Asp Ala Val Asp Thr Ala Glu Ala Phe Arg Asp Gly Val Asp Phe Thr
 245 250 255
 Gly Val Val Leu Thr Lys Leu Asp Gly Asp Ala Arg Gly Gly Ala Ala
 260 265 270
 Leu Ser Ile Arg Glu Val Thr Gly Lys Pro Ile Met Phe Ala Ser Thr
 275 280 285
 Gly Glu Lys Leu Asp Asp Phe Asp Val Phe His Pro Glu Arg Met Ala
 290 295 300
 Ser Arg Ile Leu Gly Met Gly Asp Val Leu Ser Leu Ile Glu Gln Ala
 305 310 315 320
 Glu Ala Val Met Asp Gln Glu Lys Ala Glu Val Ala Ala Gln Lys Leu
 325 330 335
 Gly Ser Gly Glu Leu Thr Leu Glu Asp Phe Leu Asp Gln Met Leu Met
 340 345 350
 Ile Arg Arg Met Gly Pro Ile Gly Asn Ile Leu Lys Met Leu Pro Gly

355	360	365
Gly Lys Gln Met Ser Gln Met Ala Asp Met Val Asp Glu Lys Gln Leu		
370	375	380
Asp Arg Ile Gln Ala Ile Ile Arg Gly Met Thr Pro Ala Glu Arg Asp		
385	390	395
Asn Pro Lys Ile Leu Asn Ala Ser Arg Arg Lys Arg Ile Ala Asn Gly		
405	410	415
Ser Gly Val Thr Val Ser Glu Val Asn Lys Leu Val Glu Arg Phe Phe		
420	425	430
Glu Ala Arg Lys Met Met Gly Gln Met Ala Gly Gln Phe Gly Met Gly		
435	440	445
Pro Gly Ser Arg Ser Ala Thr Lys Lys Gln Ala Lys Gly Arg Lys Gly		
450	455	460
Lys Asn Gly Lys Arg Lys Pro Ala Lys Lys Gly Pro Thr Gln Pro Lys		
465	470	475
Met Pro Met Gly Gly Met Pro Gly Met Pro Gly Met Pro Gly Met Gly		
485	490	495
Gly Ala Gly Met Pro Asp Leu Ala Glu Leu Gln Lys Gln Leu Gly Gly		
500	505	510
Ala Gly Gly Gly Met Gly Gly Leu Gly Gly Gly Leu Pro Gly Met Pro		
515	520	525
Lys Pro Pro Lys Gly Met Glu Asn Ile Asp Leu Asn Asn Leu Asp Phe		
530	535	540
Gly Lys Lys		
545		

<210> 85
 <211> 958
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(928)
 <223> RXA03070

<400> 85
 gtggataaaa gggaaaacat aggggtcatg aaatagaaca agcacgaggc ctggtaaata 60
 cgaattcgac caagaaaacg taaacacccc aggagtactc gtg cct gcc ctt cca 115
 Val Pro Ala Leu Pro 5
 1
 tca tct atc atc gac ccc ctc tgg cgc cag ttc tcc gcc tta atc cca 163
 Ser Ser Ile Ile Asp Pro Leu Trp Arg Gln Phe Ser Ala Leu Ile Pro 20
 10 15 20
 ccg gtt atc atc acc cac cca cta ggg tgc cac cgt gca cgc att gct 211
 Pro Val Ile Ile Thr His Pro Leu Gly Cys His Arg Ala Arg Ile Ala 35
 25 30 35

gac cgg atc atc gtc gac aaa ctc atc gca gtg ctt gtc ctc ggt gtc	259
Asp Arg Ile Ile Val Asp Lys Leu Ile Ala Val Leu Val Leu Gly Val	
40 45 50	
tcc tat atc aag att tcc gat tcc acc tgc tca gcc acc acg ata cgc	307
Ser Tyr Ile Lys Ile Ser Asp Ser Thr Cys Ser Ala Thr Thr Ile Arg	
55 60 65	
acc cgc cga gac gag tgg atc act gcc ggg att ttc aag aat tta gaa	355
Thr Arg Arg Asp Glu Trp Ile Thr Ala Gly Ile Phe Lys Asn Leu Glu	
70 75 80 85	
cag atc tgt ctg gag tcc tac gac cgt ttc atc ggg tta gac cta gaa	403
Gln Ile Cys Leu Glu Ser Tyr Asp Arg Phe Ile Gly Leu Asp Leu Glu	
90 95 100	
aac tta aat gtt gat ggc tgc att gtt aaa gct ccc tgc ggc gga gag	451
Asn Leu Asn Val Asp Gly Cys Ile Val Lys Ala Pro Cys Gly Gly Glu	
105 110 115	
gta gcc ggc aga ttc ccg gtt gac cgg gaa aaa ggc acc aaa cgc tcg	499
Val Ala Gly Arg Phe Pro Val Asp Arg Glu Lys Gly Thr Lys Arg Ser	
120 125 130	
tta atg gtc gat gga cat gga atc ccg atc ggg tgc gtg gtc gcc gga	547
Leu Met Val Asp Gly His Gly Ile Pro Ile Gly Cys Val Val Ala Gly	
135 140 145	
gcc aat cgg cat gat tta ccg ttg tta gct gca acc ttg gac acg ctc	595
Ala Asn Arg His Asp Leu Pro Leu Leu Ala Ala Thr Leu Asp Thr Leu	
150 155 160 165	
ggc cgg ttt ggg ggc tct ctt ccc gat cag atc acg gtg cat ctc gat	643
Gly Arg Phe Gly Gly Ser Leu Pro Asp Gln Ile Thr Val His Leu Asp	
170 175 180	
gct ggg tat gac tcg aag aaa acc cgc agg cta ctc agc gaa ttt ggt	691
Ala Gly Tyr Asp Ser Lys Lys Thr Arg Arg Leu Leu Ser Glu Phe Gly	
185 190 195	
tat agc tgg gtg atc agc att aaa ggt gag ccg ctg cag gct ggg act	739
Tyr Ser Trp Val Ile Ser Ile Lys Gly Glu Pro Leu Gln Ala Gly Thr	
200 205 210	
cgg tgg gtg gtg gag cgt act aac tct tgg cat aac cgg ggt ttt aag	787
Arg Trp Val Val Glu Arg Thr Asn Ser Trp His Asn Arg Gly Phe Lys	
215 220 225	
aaa ctt agt atc tgc acc gaa cgt tgt acc cgg gtt gtg gaa gcg ttt	835
Lys Leu Ser Ile Cys Thr Glu Arg Cys Thr Arg Val Val Glu Ala Phe	
230 235 240 245	
atc gct tta gcc aac gcg gtg att att ctg cgt cgg ctt atc aaa cag	883
Ile Ala Leu Ala Asn Ala Val Ile Ile Leu Arg Arg Leu Ile Lys Gln	
250 255 260	
gcc tgg act agt tac cgc tgg gac acc cga ccg ggc cac aga cct	928
Ala Trp Thr Ser Tyr Arg Trp Asp Thr Arg Pro Gly His Arg Pro	
265 270 275	
taatctatcc gcgcaatctc taaggagaaa	958

<211> 276
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 86

Val	Pro	Ala	Leu	Pro	Ser	Ser	Ile	Ile	Asp	Pro	Leu	Trp	Arg	Gln	Phe
1				5					10					15	
Ser	Ala	Leu	Ile	Pro	Pro	Val	Ile	Ile	Thr	His	Pro	Leu	Gly	Cys	His
			20					25					30		
Arg	Ala	Arg	Ile	Ala	Asp	Arg	Ile	Ile	Val	Asp	Lys	Leu	Ile	Ala	Val
		35					40					45			
Leu	Val	Leu	Gly	Val	Ser	Tyr	Ile	Lys	Ile	Ser	Asp	Ser	Thr	Cys	Ser
	50					55					60				
Ala	Thr	Thr	Ile	Arg	Thr	Arg	Arg	Asp	Glu	Trp	Ile	Thr	Ala	Gly	Ile
	65				70					75					80
Phe	Lys	Asn	Leu	Glu	Gln	Ile	Cys	Leu	Glu	Ser	Tyr	Asp	Arg	Phe	Ile
				85					90					95	
Gly	Leu	Asp	Leu	Glu	Asn	Leu	Asn	Val	Asp	Gly	Cys	Ile	Val	Lys	Ala
			100					105					110		
Pro	Cys	Gly	Gly	Glu	Val	Ala	Gly	Arg	Phe	Pro	Val	Asp	Arg	Glu	Lys
		115					120					125			
Gly	Thr	Lys	Arg	Ser	Leu	Met	Val	Asp	Gly	His	Gly	Ile	Pro	Ile	Gly
	130					135					140				
Cys	Val	Val	Ala	Gly	Ala	Asn	Arg	His	Asp	Leu	Pro	Leu	Leu	Ala	Ala
145					150					155					160
Thr	Leu	Asp	Thr	Leu	Gly	Arg	Phe	Gly	Gly	Ser	Leu	Pro	Asp	Gln	Ile
			165						170					175	
Thr	Val	His	Leu	Asp	Ala	Gly	Tyr	Asp	Ser	Lys	Lys	Thr	Arg	Arg	Leu
			180					185					190		
Leu	Ser	Glu	Phe	Gly	Tyr	Ser	Trp	Val	Ile	Ser	Ile	Lys	Gly	Glu	Pro
		195					200					205			
Leu	Gln	Ala	Gly	Thr	Arg	Trp	Val	Val	Glu	Arg	Thr	Asn	Ser	Trp	His
	210					215					220				
Asn	Arg	Gly	Phe	Lys	Lys	Leu	Ser	Ile	Cys	Thr	Glu	Arg	Cys	Thr	Arg
225					230					235					240
Val	Val	Glu	Ala	Phe	Ile	Ala	Leu	Ala	Asn	Ala	Val	Ile	Ile	Leu	Arg
			245						250					255	
Arg	Leu	Ile	Lys	Gln	Ala	Trp	Thr	Ser	Tyr	Arg	Trp	Asp	Thr	Arg	Pro
		260						265					270		
Gly	His	Arg	Pro												
		275													

<210> 87
 <211> 754
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(724)

<223> RXA03098

<400> 87

```

gaccggttttg tcgatcgcac cgctgctggc tcgcaccatc aacgagatct tcgaaaacgg 60

ttccgtcacc accctcttcg agggcgaggc ctaaacaccc atg ccc acc acg gac 115
                               Met Pro Thr Thr Asp
                               1                               5

gtc ttc aac cgc gtc cgg ttg gca ttg gaa cct cta gct gat ccc gca 163
Val Phe Asn Arg Val Arg Leu Ala Leu Glu Pro Leu Ala Asp Pro Ala
                               10                               15                               20

cgt gcc acc gga atg gca agc tac atg cgg gat cag ttt tct ttt ctc 211
Arg Ala Thr Gly Met Ala Ser Tyr Met Arg Asp Gln Phe Ser Phe Leu
                               25                               30                               35

ggc atc cca tcc acc ccc aga aaa gaa gcc tgc aaa ccc gtg ctg tcc 259
Gly Ile Pro Ser Thr Pro Arg Lys Glu Ala Cys Lys Pro Val Leu Ser
                               40                               45                               50

gcg cta aaa gag ttg gac act gac ttt gtc tca gac tgc ttt ggc gca 307
Ala Leu Lys Glu Leu Asp Thr Asp Phe Val Ser Asp Cys Phe Gly Ala
                               55                               60                               65

gct gaa cgg gaa tac cag tat gtc gcc tgc gat cac atc aat cgc gtc 355
Ala Glu Arg Glu Tyr Gln Tyr Val Ala Cys Asp His Ile Asn Arg Val
                               70                               75                               80                               85

ggc atc acc gat cta ggt ttt gcc aaa gca tta gtg cag acc aaa tcc 403
Gly Ile Thr Asp Leu Gly Phe Ala Lys Ala Leu Val Gln Thr Lys Ser
                               90                               95                               100

tgg tgg gac acc gtc gat tcc cta gca aaa ccg atc ggc gcc aaa cac 451
Trp Trp Asp Thr Val Asp Ser Leu Ala Lys Pro Ile Gly Ala Lys His
                               105                               110                               115

gat gat gat ctg atg aaa acg tgg gcg ctt gat gag gac ttc tgg gtg 499
Asp Asp Asp Leu Met Lys Thr Trp Ala Leu Asp Glu Asp Phe Trp Val
                               120                               125                               130

cgc cgc atc gcg atc atc cac caa ctg ggc cgc aag aaa aac acc gac 547
Arg Arg Ile Ala Ile Ile His Gln Leu Gly Arg Lys Lys Asn Thr Asp
                               135                               140                               145

gct gcc ctg ctg gcc tgg atc atc gag cag aac ctc ggc tcc agc gag 595
Ala Ala Leu Leu Ala Trp Ile Ile Glu Gln Asn Leu Gly Ser Ser Glu
                               150                               155                               160                               165

ttc ttc atc aac aaa gcg atc ggc tgg gca ctg cgg gat ttc gcc cgc 643
Phe Phe Ile Asn Lys Ala Ile Gly Trp Ala Leu Arg Asp Phe Ala Arg
                               170                               175                               180

cac gac ccc agc tgg gtc cgg gct ttt gtc gac gcc acg gac ctt tcc 691
His Asp Pro Ser Trp Val Arg Ala Phe Val Asp Ala Thr Asp Leu Ser
                               185                               190                               195

cca ctg agc cgg cga gaa gcc ctg aag aat att tagccctcag gcatcatctg 744

```


Pro Leu Ser Arg Arg Glu Ala Leu Lys Asn Ile
 200 205

agcgagtgcc

754

<210> 88
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 88
 Met Pro Thr Thr Asp Val Phe Asn Arg Val Arg Leu Ala Leu Glu Pro
 1 5 10 15
 Leu Ala Asp Pro Ala Arg Ala Thr Gly Met Ala Ser Tyr Met Arg Asp
 20 25 30
 Gln Phe Ser Phe Leu Gly Ile Pro Ser Thr Pro Arg Lys Glu Ala Cys
 35 40 45
 Lys Pro Val Leu Ser Ala Leu Lys Glu Leu Asp Thr Asp Phe Val Ser
 50 55 60
 Asp Cys Phe Gly Ala Ala Glu Arg Glu Tyr Gln Tyr Val Ala Cys Asp
 65 70 75 80
 His Ile Asn Arg Val Gly Ile Thr Asp Leu Gly Phe Ala Lys Ala Leu
 85 90 95
 Val Gln Thr Lys Ser Trp Trp Asp Thr Val Asp Ser Leu Ala Lys Pro
 100 105 110
 Ile Gly Ala Lys His Asp Asp Asp Leu Met Lys Thr Trp Ala Leu Asp
 115 120 125
 Glu Asp Phe Trp Val Arg Arg Ile Ala Ile Ile His Gln Leu Gly Arg
 130 135 140
 Lys Lys Asn Thr Asp Ala Ala Leu Leu Ala Trp Ile Ile Glu Gln Asn
 145 150 155 160
 Leu Gly Ser Ser Glu Phe Phe Ile Asn Lys Ala Ile Gly Trp Ala Leu
 165 170 175
 Arg Asp Phe Ala Arg His Asp Pro Ser Trp Val Arg Ala Phe Val Asp
 180 185 190
 Ala Thr Asp Leu Ser Pro Leu Ser Arg Arg Glu Ala Leu Lys Asn Ile
 195 200 205

<210> 89
 <211> 562
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(532)

<223> RXA03206

<400> 89

```

gaatccctgc acaacggcgc cattgcggcg ttggtggatc tcatccgcc cggattggtg 60

ttgcccgtg atcttctcga ttcttaaata aggactgatt gtg aaa gcc gtt tta 115
                               Val Lys Ala Val Leu
                               1           5

acc cgt gtg agt tcc gcc agc gtc agc gtg gat gat gaa att gtt gga 163
Thr Arg Val Ser Ser Ala Ser Val Ser Val Asp Asp Glu Ile Val Gly
                10                15                20

gcc atc gat tgc ccc gac acc gga ggc att ttg gcg ctg gtt gga gtc 211
Ala Ile Asp Cys Pro Asp Thr Gly Gly Ile Leu Ala Leu Val Gly Val
                25                30                35

ggc gct gct gat agc gac gac gcc tgg gaa acc atg gtg cga aaa att 259
Gly Ala Ala Asp Ser Asp Asp Ala Trp Glu Thr Met Val Arg Lys Ile
                40                45                50

gct gag ctg cgc atc ttg gat ggc gaa caa tcc gtc agt gat gtc aat 307
Ala Glu Leu Arg Ile Leu Asp Gly Glu Gln Ser Val Ser Asp Val Asn
                55                60                65

gct ccc gta ctg ctt gtt agc caa ttc acc ctg cat ggt cgc acc gca 355
Ala Pro Val Leu Leu Val Ser Gln Phe Thr Leu His Gly Arg Thr Ala
                70                75                80                85

aaa ggc cgg cgc cca tcg tgg tct gat gca gca cct ggt gag gtg gct 403
Lys Gly Arg Arg Pro Ser Trp Ser Asp Ala Ala Pro Gly Glu Val Ala
                90                95                100

gag ccg gtg att gaa aag att gca caa ggt tta cgt gag cgc gga atc 451
Glu Pro Val Ile Glu Lys Ile Ala Gln Gly Leu Arg Glu Arg Gly Ile
                105                110                115

acc gtg gaa caa gga cga ttc ggc gca atg atg aag gtc aca tcg gtt 499
Thr Val Glu Gln Gly Arg Phe Gly Ala Met Met Lys Val Thr Ser Val
                120                125                130

aac gaa ggc ccc ttc acc gtt ttg gtc gag tgc tagccagtca atcctaagag 552
Asn Glu Gly Pro Phe Thr Val Leu Val Glu Cys
                135                140

cttgaaacgc 562

```

<210> 90

<211> 144

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 90

```

Val Lys Ala Val Leu Thr Arg Val Ser Ser Ala Ser Val Ser Val Asp
 1           5           10           15

Asp Glu Ile Val Gly Ala Ile Asp Cys Pro Asp Thr Gly Gly Ile Leu
 20           25           30

Ala Leu Val Gly Val Gly Ala Ala Asp Ser Asp Asp Ala Trp Glu Thr
 35           40           45

```

Met Val Arg Lys Ile Ala Glu Leu Arg Ile Leu Asp Gly Glu Gln Ser
 50 55 60

Val Ser Asp Val Asn Ala Pro Val Leu Leu Val Ser Gln Phe Thr Leu
 65 70 75 80

His Gly Arg Thr Ala Lys Gly Arg Arg Pro Ser Trp Ser Asp Ala Ala
 85 90 95

Pro Gly Glu Val Ala Glu Pro Val Ile Glu Lys Ile Ala Gln Gly Leu
 100 105 110

Arg Glu Arg Gly Ile Thr Val Glu Gln Gly Arg Phe Gly Ala Met Met
 115 120 125

Lys Val Thr Ser Val Asn Glu Gly Pro Phe Thr Val Leu Val Glu Cys
 130 135 140

<210> 91
 <211> 607
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(577)
 <223> RXA03260

<400> 91
 cagatggctg gcagggatca gctgaccacg ttgctcaacc agcgtggtgt caaagtttct 60

actgggactg tgggatcaat tatgaacgaa tgaggagtgc gtg tca gac gaa tgc 115
 Val Ser Asp Glu Cys
 1 5

ggg cct gga aga aca cca cgg tca gtg acc ctt tct gcc cgg acc gag 163
 Gly Pro Gly Arg Thr Pro Arg Ser Val Thr Leu Ser Ala Arg Thr Glu
 10 15 20

cat att aaa aat cat atg ctc gat agc cac ggg aaa cga gac ttt acc 211
 His Ile Lys Asn His Met Leu Asp Ser His Gly Lys Arg Asp Phe Thr
 25 30 35

gct acc gtg cct ggg acc agg ctc gtt ggt gac att acg tac tta aag 259
 Ala Thr Val Pro Gly Thr Arg Leu Val Gly Asp Ile Thr Tyr Leu Lys
 40 45 50

acg ggt tcc ggg tgg ctg tat gtg gct acc gtg atc gat ttg gct acg 307
 Thr Gly Ser Gly Trp Leu Tyr Val Ala Thr Val Ile Asp Leu Ala Thr
 55 60 65

cgg atg gtg gtg ggg tgg tct atg gat tct aat atg cgc aca ccg ttg 355
 Arg Met Val Val Gly Trp Ser Met Asp Ser Asn Met Arg Thr Pro Leu
 70 75 80 85

gtg atc aat gcg ctg gct atg gcg cgt gat cat ggg tgt ctt cat cct 403
 Val Ile Asn Ala Leu Ala Met Ala Arg Asp His Gly Cys Leu His Pro
 90 95 100

gaa ggc gca att ttt cac tcc gat aga gga tcg caa tac acc tcc gag 451

Glu Gly Ala Ile Phe His Ser Asp Arg Gly Ser Gln Tyr Thr Ser Glu
 105 110 115
 cag ttc cag aca tgg tgc gcc ggc aac aag atc acc caa tcc atg gga 499
 Gln Phe Gln Thr Trp Cys Ala Gly Asn Lys Ile Thr Gln Ser Met Gly
 120 125 130
 ttg acc ggg gtg tgt tgg gat aac gga agt cgc gga gaa ttt ttt ctc 547
 Leu Thr Gly Val Cys Trp Asp Asn Gly Ser Arg Gly Glu Phe Phe Leu
 135 140 145
 aca ttt gaa gac cga aat gta tca cca cta tgattttgag aatcacctgt 597
 Thr Phe Glu Asp Arg Asn Val Ser Pro Leu
 150 155
 cggaaccgaac 607

<210> 92
 <211> 159
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 92
 Val Ser Asp Glu Cys Gly Pro Gly Arg Thr Pro Arg Ser Val Thr Leu
 1 5 10 15
 Ser Ala Arg Thr Glu His Ile Lys Asn His Met Leu Asp Ser His Gly
 20 25 30
 Lys Arg Asp Phe Thr Ala Thr Val Pro Gly Thr Arg Leu Val Gly Asp
 35 40 45
 Ile Thr Tyr Leu Lys Thr Gly Ser Gly Trp Leu Tyr Val Ala Thr Val
 50 55 60
 Ile Asp Leu Ala Thr Arg Met Val Val Gly Trp Ser Met Asp Ser Asn
 65 70 75 80
 Met Arg Thr Pro Leu Val Ile Asn Ala Leu Ala Met Ala Arg Asp His
 85 90 95
 Gly Cys Leu His Pro Glu Gly Ala Ile Phe His Ser Asp Arg Gly Ser
 100 105 110
 Gln Tyr Thr Ser Glu Gln Phe Gln Thr Trp Cys Ala Gly Asn Lys Ile
 115 120 125
 Thr Gln Ser Met Gly Leu Thr Gly Val Cys Trp Asp Asn Gly Ser Arg
 130 135 140
 Gly Glu Phe Phe Leu Thr Phe Glu Asp Arg Asn Val Ser Pro Leu
 145 150 155

<210> 93
 <211> 1969
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1939)

<223> RXA03394

<400> 93

```

ctgcaaagcg acgcagggag cgtaaggcga gtggcgcgggg gaagcgtcga taggcaattt 60

ttaaccctg atacccttt cgggccgggc ataaattaag gtg gta cgc atg acg 115
                               Val Val Arg Met Thr
                               1 5

aag aac gtg ctc gta tct gtt gcc tgg ccg tat gcc aac gga ccc cgt 163
Lys Asn Val Leu Val Ser Val Ala Trp Pro Tyr Ala Asn Gly Pro Arg
                               10 15 20

cac att gga cat gtg gcg ggg ttt ggt gtc ccc tcc gat gtg ttc gca 211
His Ile Gly His Val Ala Gly Phe Gly Val Pro Ser Asp Val Phe Ala
                               25 30 35

agg ttc cag cga atg tct ggc aac aac gtg ctc atg gtg tcc ggc acc 259
Arg Phe Gln Arg Met Ser Gly Asn Asn Val Leu Met Val Ser Gly Thr
                               40 45 50

gat gag cac ggc acg cca ctt ctg gtt caa gca gac aaa gaa ggc gtc 307
Asp Glu His Gly Thr Pro Leu Leu Val Gln Ala Asp Lys Glu Gly Val
                               55 60 65

acc gtt caa gac cta gcg gat aag tac aac cgc cag atc gtc gaa gac 355
Thr Val Gln Asp Leu Ala Asp Lys Tyr Asn Arg Gln Ile Val Glu Asp
                               70 75 80 85

ctc acc ggc ctg ggc ctg tcc tat gac ctt ttc acc cgc acc acc acc 403
Leu Thr Gly Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Leu Phe Thr Arg Thr Thr Thr
                               90 95 100

tcc aac cac tac gca gta gtg cag gaa ctg ttc cgt ggt ctg tac gac 451
Ser Asn His Tyr Ala Val Val Gln Glu Leu Phe Arg Gly Leu Tyr Asp
                               105 110 115

aac ggt tac atg atc aag gaa acc acc ctc ggt gcg att tcc cca tcc 499
Asn Gly Tyr Met Ile Lys Glu Thr Thr Leu Gly Ala Ile Ser Pro Ser
                               120 125 130

act ggc cgt acc ctg cca gac cgc tac att gaa ggc acc tgc cca atc 547
Thr Gly Arg Thr Leu Pro Asp Arg Tyr Ile Glu Gly Thr Cys Pro Ile
                               135 140 145

tgt ggc acc gac ggc gct cgt ggc gac cag tgc gac aac tgc gga aac 595
Cys Gly Thr Asp Gly Ala Arg Gly Asp Gln Cys Asp Asn Cys Gly Asn
                               150 155 160 165

cag ctc gat cca gcg gac ctg atc aac ccg gtg tcc aag atc aac ggc 643
Gln Leu Asp Pro Ala Asp Leu Ile Asn Pro Val Ser Lys Ile Asn Gly
                               170 175 180

gaa acc cca gag ttc gtt gag acc gaa cac ttc ctg ctc gac ctg cca 691
Glu Thr Pro Glu Phe Val Glu Thr Glu His Phe Leu Leu Asp Leu Pro
                               185 190 195

gca ctg gct gaa gca cta acc gag tgg ctg aag gga cgc gaa gac tgg 739
Ala Leu Ala Glu Ala Leu Thr Glu Trp Leu Lys Gly Arg Glu Asp Trp
                               200 205 210

cgt cca aac gtg ttg aag ttc tcg ctc aac ctg ctg gac gat atc cgc 787
Arg Pro Asn Val Leu Lys Phe Ser Leu Asn Leu Leu Asp Asp Ile Arg

```

215	220	225	
cca cgc gca atg tcg cgc gat atc gac tgg ggc atc cca atc cca gtt Pro Arg Ala Met Ser Arg Asp Ile Asp Trp Gly Ile Pro Ile Pro Val 230 235 240 245			835
gaa gga tgg caa gac aac aac gcc aag aag ctc tac gtc tgg ttc gac Glu Gly Trp Gln Asp Asn Asn Ala Lys Lys Leu Tyr Val Trp Phe Asp 250 255 260			883
gct gtc gtg ggc tac ttg tcc gca tcc atc gaa tgg gcc tac cgc tcc Ala Val Val Gly Tyr Leu Ser Ala Ser Ile Glu Trp Ala Tyr Arg Ser 265 270 275			931
ggc gac cca gaa gca tgg cgc acc ttc tgg aat gat cca gaa acc aag Gly Asp Pro Glu Ala Trp Arg Thr Phe Trp Asn Asp Pro Glu Thr Lys 280 285 290			979
tcc tac tac ttc atg ggc aaa gac aac atc acc ttc cac tcc cag atc Ser Tyr Tyr Phe Met Gly Lys Asp Asn Ile Thr Phe His Ser Gln Ile 295 300 305			1027
tgg cca gcg gag ctt ctc ggc tac gca ggc aag ggc tcc cgc ggt gga Trp Pro Ala Glu Leu Leu Gly Tyr Ala Gly Lys Gly Ser Arg Gly Gly 310 315 320 325			1075
gaa atc ggt gac ctg ggt gtt ctg aac ctg cct act gag gtt gtt tcc Glu Ile Gly Asp Leu Gly Val Leu Asn Leu Pro Thr Glu Val Val Ser 330 335 340			1123
tct gag ttc ctg act atg tct gga tcc aag ttc tcc tca tcc aag ggc Ser Glu Phe Leu Thr Met Ser Gly Ser Lys Phe Ser Ser Ser Lys Gly 345 350 355			1171
gtt gtc atc tac gtg aag gac ttc ctc aag gag ttc ggc cca gat gcg Val Val Ile Tyr Val Lys Asp Phe Leu Lys Glu Phe Gly Pro Asp Ala 360 365 370			1219
ctg cga tac ttc atc gct gtc gca ggc cca gaa aac aac gac acc gac Leu Arg Tyr Phe Ile Ala Val Ala Gly Pro Glu Asn Asn Asp Thr Asp 375 380 385			1267
ttc acc tgg gat gaa ttt gtc cgc cgc gta aat aac gag ctg gca aac Phe Thr Trp Asp Glu Phe Val Arg Arg Val Asn Asn Glu Leu Ala Asn 390 395 400 405			1315
ggc tgg ggc aac ctg gtc aac cgc act gta tcc atg gcg cac aag aac Gly Trp Gly Asn Leu Val Asn Arg Thr Val Ser Met Ala His Lys Asn 410 415 420			1363
ttc ggt gaa gta cca gta cct ggc gca ctg gaa gaa tct gac aag aag Phe Gly Glu Val Pro Val Pro Gly Ala Leu Glu Glu Ser Asp Lys Lys 425 430 435			1411
atc ctt gat ctt gct acc gct gcc ttt gaa tcc gtt gct gcg aac ctg Ile Leu Asp Leu Ala Thr Ala Ala Phe Glu Ser Val Ala Ala Asn Leu 440 445 450			1459
gat cag tcc aag ttc aag gcc ggt atc tct gaa atc atg cac gtt gtc Asp Gln Ser Lys Phe Lys Ala Gly Ile Ser Glu Ile Met His Val Val 455 460 465			1507
ggt gag gcc aac gcc tac atc gca gag caa gaa cca tgg aag ctt gcc			1555

Gly Glu Ala Asn Ala Tyr Ile Ala Glu Gln Glu Pro Trp Lys Leu Ala
 470 475 480 485
 aag gat gac acc aag cgc gag cgt ctt gcc acc gtg ctg tgg act gcg 1603
 Lys Asp Asp Thr Lys Arg Glu Arg Leu Ala Thr Val Leu Trp Thr Ala
 490 495 500
 ctg cag gtt gtt tct gac tgc aac acc atg ctg acc cca tac ctg cca 1651
 Leu Gln Val Val Ser Asp Cys Asn Thr Met Leu Thr Pro Tyr Leu Pro
 505 510 515
 cac acc gcc caa aag gtg cat gag acc ttg ggc cgt gat gga atc tgg 1699
 His Thr Ala Gln Lys Val His Glu Thr Leu Gly Arg Asp Gly Ile Trp
 520 525 530
 gct gca aca cca cag atc gtg gaa gtc acc aac gaa tca cca cgc cag 1747
 Ala Ala Thr Pro Gln Ile Val Glu Val Thr Asn Glu Ser Pro Arg Gln
 535 540 545
 cca atc ggc gtg ggg cta cca gat cca gag cac acc tac cca gta atc 1795
 Pro Ile Gly Val Gly Leu Pro Asp Pro Glu His Thr Tyr Pro Val Ile
 550 555 560 565
 atg ggc gac tac aag acc cag ctg gct aag tgg cag cgc atc gac gtt 1843
 Met Gly Asp Tyr Lys Thr Gln Leu Ala Lys Trp Gln Arg Ile Asp Val
 570 575 580
 gtg cca ggc acc acc ttg gag aag cca gca ccg ctg att gct aag ctc 1891
 Val Pro Gly Thr Thr Leu Glu Lys Pro Ala Pro Leu Ile Ala Lys Leu
 585 590 595
 gat cca gaa ctt ggt gaa acc ggc cca gaa tgg gca cca gtg cag aac 1939
 Asp Pro Glu Leu Gly Glu Thr Gly Pro Glu Trp Ala Pro Val Gln Asn
 600 605 610
 taaagcatct ttagcatgaa ccgagcaggt 1969

<210> 94

<211> 613

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 94

Val Val Arg Met Thr Lys Asn Val Leu Val Ser Val Ala Trp Pro Tyr
 1 5 10 15
 Ala Asn Gly Pro Arg His Ile Gly His Val Ala Gly Phe Gly Val Pro
 20 25 30
 Ser Asp Val Phe Ala Arg Phe Gln Arg Met Ser Gly Asn Asn Val Leu
 35 40 45
 Met Val Ser Gly Thr Asp Glu His Gly Thr Pro Leu Leu Val Gln Ala
 50 55 60
 Asp Lys Glu Gly Val Thr Val Gln Asp Leu Ala Asp Lys Tyr Asn Arg
 65 70 75 80
 Gln Ile Val Glu Asp Leu Thr Gly Leu Gly Leu Ser Tyr Asp Leu Phe
 85 90 95
 Thr Arg Thr Thr Thr Ser Asn His Tyr Ala Val Val Gln Glu Leu Phe

100						105						110					
Arg	Gly	Leu	Tyr	Asp	Asn	Gly	Tyr	Met	Ile	Lys	Glu	Thr	Thr	Leu	Gly		
115						120						125					
Ala	Ile	Ser	Pro	Ser	Thr	Gly	Arg	Thr	Leu	Pro	Asp	Arg	Tyr	Ile	Glu		
130						135						140					
Gly	Thr	Cys	Pro	Ile	Cys	Gly	Thr	Asp	Gly	Ala	Arg	Gly	Asp	Gln	Cys		
145						150						155					
Asp	Asn	Cys	Gly	Asn	Gln	Leu	Asp	Pro	Ala	Asp	Leu	Ile	Asn	Pro	Val		
165						170						175					
Ser	Lys	Ile	Asn	Gly	Glu	Thr	Pro	Glu	Phe	Val	Glu	Thr	Glu	His	Phe		
180						185						190					
Leu	Leu	Asp	Leu	Pro	Ala	Leu	Ala	Glu	Ala	Leu	Thr	Glu	Trp	Leu	Lys		
195						200						205					
Gly	Arg	Glu	Asp	Trp	Arg	Pro	Asn	Val	Leu	Lys	Phe	Ser	Leu	Asn	Leu		
210						215						220					
Leu	Asp	Asp	Ile	Arg	Pro	Arg	Ala	Met	Ser	Arg	Asp	Ile	Asp	Trp	Gly		
225						230						235					
Ile	Pro	Ile	Pro	Val	Glu	Gly	Trp	Gln	Asp	Asn	Asn	Ala	Lys	Lys	Leu		
245						250						255					
Tyr	Val	Trp	Phe	Asp	Ala	Val	Val	Gly	Tyr	Leu	Ser	Ala	Ser	Ile	Glu		
260						265						270					
Trp	Ala	Tyr	Arg	Ser	Gly	Asp	Pro	Glu	Ala	Trp	Arg	Thr	Phe	Trp	Asn		
275						280						285					
Asp	Pro	Glu	Thr	Lys	Ser	Tyr	Tyr	Phe	Met	Gly	Lys	Asp	Asn	Ile	Thr		
290						295						300					
Phe	His	Ser	Gln	Ile	Trp	Pro	Ala	Glu	Leu	Leu	Gly	Tyr	Ala	Gly	Lys		
305						310						315					
Gly	Ser	Arg	Gly	Gly	Glu	Ile	Gly	Asp	Leu	Gly	Val	Leu	Asn	Leu	Pro		
325						330						335					
Thr	Glu	Val	Val	Ser	Ser	Glu	Phe	Leu	Thr	Met	Ser	Gly	Ser	Lys	Phe		
340						345						350					
Ser	Ser	Ser	Lys	Gly	Val	Val	Ile	Tyr	Val	Lys	Asp	Phe	Leu	Lys	Glu		
355						360						365					
Phe	Gly	Pro	Asp	Ala	Leu	Arg	Tyr	Phe	Ile	Ala	Val	Ala	Gly	Pro	Glu		
370						375						380					
Asn	Asn	Asp	Thr	Asp	Phe	Thr	Trp	Asp	Glu	Phe	Val	Arg	Arg	Val	Asn		
385						390						395					
Asn	Glu	Leu	Ala	Asn	Gly	Trp	Gly	Asn	Leu	Val	Asn	Arg	Thr	Val	Ser		
405						410						415					
Met	Ala	His	Lys	Asn	Phe	Gly	Glu	Val	Pro	Val	Pro	Gly	Ala	Leu	Glu		
420						425						430					
Glu	Ser	Asp	Lys	Lys	Ile	Leu	Asp	Leu	Ala	Thr	Ala	Ala	Phe	Glu	Ser		
435						440						445					

Val Ala Ala Asn Leu Asp Gln Ser Lys Phe Lys Ala Gly Ile Ser Glu
 450 455 460
 Ile Met His Val Val Gly Glu Ala Asn Ala Tyr Ile Ala Glu Gln Glu
 465 470 475 480
 Pro Trp Lys Leu Ala Lys Asp Asp Thr Lys Arg Glu Arg Leu Ala Thr
 485 490 495
 Val Leu Trp Thr Ala Leu Gln Val Val Ser Asp Cys Asn Thr Met Leu
 500 505 510
 Thr Pro Tyr Leu Pro His Thr Ala Gln Lys Val His Glu Thr Leu Gly
 515 520 525
 Arg Asp Gly Ile Trp Ala Ala Thr Pro Gln Ile Val Glu Val Thr Asn
 530 535 540
 Glu Ser Pro Arg Gln Pro Ile Gly Val Gly Leu Pro Asp Pro Glu His
 545 550 555 560
 Thr Tyr Pro Val Ile Met Gly Asp Tyr Lys Thr Gln Leu Ala Lys Trp
 565 570 575
 Gln Arg Ile Asp Val Val Pro Gly Thr Thr Leu Glu Lys Pro Ala Pro
 580 585 590
 Leu Ile Ala Lys Leu Asp Pro Glu Leu Gly Glu Thr Gly Pro Glu Trp
 595 600 605
 Ala Pro Val Gln Asn
 610

<210> 95

<211> 3016

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2986)

<223> RXA03674

<400> 95

tccccgcagc ccaccaccgt gggctgcggg gtgtggcggt tttgccacaa agtggaccgt 60
 attcgcaaat actttgttaa gacgcgttaa tctttaacct atg tct gaa tca ggt 115
 Met Ser Glu Ser Gly
 1 5
 gcg cta agt tct act gac tct cta tcc ccg ggt gtc acc att gaa gtc 163
 Ala Leu Ser Ser Thr Asp Ser Leu Ser Pro Gly Val Thr Ile Glu Val
 10 15 20
 cga gat gaa att tgg ctg gtt act cac gtt act cgc tcc aca gat ggt 211
 Arg Asp Glu Ile Trp Leu Val Thr His Val Thr Arg Ser Thr Asp Gly
 25 30 35
 ttt agg gtt aaa gct cgt ggt ctc tct gat tat gtg cgg gac cac gaa 259
 Phe Arg Val Lys Ala Arg Gly Leu Ser Asp Tyr Val Arg Asp His Glu
 40 45 50
 gct acg ttc ttc acc gca ctt gat aaa gat ttg aag gtc att gac cct 307

Ala Thr Phe Phe Thr	Ala Leu Asp Lys Asp Leu Lys Val Ile Asp Pro	
55	60	65
acc cag gtc acc gtc agt ctt gat gat tcc tcc aat tac cgt cgc acc	355	
Thr Gln Val Thr Val Ser Leu Asp Asp Ser Ser Asn Tyr Arg Arg Thr		
70	75	80
cgc ctg tgg ttg gag gcc acc atg cgt aaa act ccg gta ccg ctc tat	403	
Arg Leu Trp Leu Glu Ala Thr Met Arg Lys Thr Pro Val Pro Leu Tyr		
	90	95
caa gag tca ctt tcc gtg gca gat caa atg ctc gcc gat cca ctg gag	451	
Gln Glu Ser Leu Ser Val Ala Asp Gln Met Leu Ala Asp Pro Leu Glu		
	105	110
tac caa tta gca gcc gtg cgc aaa acc ctc tct agt gct aac ttg cgc	499	
Tyr Gln Leu Ala Ala Val Arg Lys Thr Leu Ser Ser Ala Asn Leu Arg		
	120	125
ccc cgc gtg ctt att gct gat gcc gtg gga ctt ggc aaa acc cta gaa	547	
Pro Arg Val Leu Ile Ala Asp Ala Val Gly Leu Gly Lys Thr Leu Glu		
	135	140
atg ggc atg atc ttg gcg gaa ctt atc cgc cgt ggc cgt ggt gag cgc	595	
Met Gly Met Ile Leu Ala Glu Leu Ile Arg Arg Gly Arg Gly Glu Arg		
	150	155
att ttg gta gtc acc ccg cgc cac att atg gag cag ttc cag cag gaa	643	
Ile Leu Val Val Thr Pro Arg His Ile Met Glu Gln Phe Gln Gln Glu		
	170	175
atg tgg acc cgt ttt gcc atc ccg ctc gtt cgt cta gat tcc gtg ggc	691	
Met Trp Thr Arg Phe Ala Ile Pro Leu Val Arg Leu Asp Ser Val Gly		
	185	190
atc cag caa gtg cgc caa aaa ttg cca gca tca cgc aac cct ttt act	739	
Ile Gln Gln Val Arg Gln Lys Leu Pro Ala Ser Arg Asn Pro Phe Thr		
	200	205
tat ttc ccg cgc gtg att gtc tct atg gat act ttg aaa tct ccg aag	787	
Tyr Phe Pro Arg Val Ile Val Ser Met Asp Thr Leu Lys Ser Pro Lys		
	215	220
tac cgc gcg caa cta gaa aag gtg cac tgg gat gcg gtg gtt ata gat	835	
Tyr Arg Ala Gln Leu Glu Lys Val His Trp Asp Ala Val Val Ile Asp		
	230	235
gaa atc cac aat gca acc aat gct ggc acc caa aat aat gag cta gcc	883	
Glu Ile His Asn Ala Thr Asn Ala Gly Thr Gln Asn Asn Glu Leu Ala		
	250	255
cgc aca ctt gcg cct act gcc gag gct ctt att ttg gcc tct gcc acc	931	
Arg Thr Leu Ala Pro Thr Ala Glu Ala Leu Ile Leu Ala Ser Ala Thr		
	265	270
ccg cac aat ggt gat cca gaa tcc ttt aag gag atc ttg cgt ttg ctt	979	
Pro His Asn Gly Asp Pro Glu Ser Phe Lys Glu Ile Leu Arg Leu Leu		
	280	285
gat ccc acc gct gtg atg cct gat ggc acc att gat gcc gaa gct gca	1027	
Asp Pro Thr Ala Val Met Pro Asp Gly Thr Ile Asp Ala Glu Ala Ala		
	295	300
cag cgt ctg atc att cgt cgc cat cgc aat agc cct gag gtt tca ggt	1075	

Gln 310	Arg	Leu	Ile	Ile	Arg 315	Arg	His	Arg	Asn	Ser 320	Pro	Glu	Val	Ser	Gly 325	
ttt	gtg	ggc	gaa	aaa	tgg	gct	cca	cgc	aat	gag	cct	cag	aac	ttc	ctg	1123
Phe	Val	Gly	Glu	Lys	Trp	Ala	Pro	Arg	Asn	Glu	Pro	Gln	Asn	Phe	Leu	
				330					335					340		
gtc	gct	gcg	tca	aaa	gaa	gaa	aac	ggc	gtt	gct	gca	gaa	ctc	aac	cat	1171
Val	Ala	Ala	Ser	Lys	Glu	Glu	Asn	Gly	Val	Ala	Ala	Glu	Leu	Asn	His	
				345				350						355		
gtg	tgg	att	tca	cca	ggg	gcg	agc	aat	ccg	atc	aag	gat	cgc	ctc	ttc	1219
Val	Trp	Ile	Ser	Pro	Gly	Ala	Ser	Asn	Pro	Ile	Lys	Asp	Arg	Leu	Phe	
		360						365						370		
ccc	tgg	aca	ttg	gtg	aag	gct	ttt	ctc	tcc	tcc	cct	gca	gcc	ttg	ggc	1267
Pro	Trp	Thr	Leu	Val	Lys	Ala	Phe	Leu	Ser	Ser	Pro	Ala	Ala	Leu	Gly	
		375				380					385					
gaa	aca	gtg	tcc	aat	cgc	ctc	aaa	aag	gcc	tct	gca	cca	gaa	gaa	aaa	1315
Glu	Thr	Val	Ser	Asn	Arg	Leu	Lys	Lys	Ala	Ser	Ala	Pro	Glu	Glu	Lys	
390					395				400						405	
cgc	gcc	cta	gaa	acc	ctt	tca	caa	ctt	aat	tct	gcg	atc	acc	ccg	cag	1363
Arg	Ala	Leu	Glu	Thr	Leu	Ser	Gln	Leu	Asn	Ser	Ala	Ile	Thr	Pro	Gln	
				410					415					420		
acc	tca	cag	aag	tac	caa	tct	cta	ctg	agc	tac	ctc	ggg	gac	atc	gga	1411
Thr	Ser	Gln	Lys	Tyr	Gln	Ser	Leu	Leu	Ser	Tyr	Leu	Gly	Asp	Ile	Gly	
			425					430					435			
gtg	aag	aag	aac	tcc	gat	acc	cgc	gtg	gtg	att	ttc	tct	gag	cgt	gtc	1459
Val	Lys	Lys	Asn	Ser	Asp	Thr	Arg	Val	Val	Ile	Phe	Ser	Glu	Arg	Val	
		440					445					450				
gct	act	ttg	cac	tgg	ctg	cag	gaa	aac	ctc	atc	cgt	gat	ctc	aag	atg	1507
Ala	Thr	Leu	His	Trp	Leu	Gln	Glu	Asn	Leu	Ile	Arg	Asp	Leu	Lys	Met	
	455					460					465					
cca	ccc	aac	tct	att	gct	gtt	atg	cac	ggc	ggg	ctc	ccc	gac	cag	gag	1555
Pro	Pro	Asn	Ser	Ile	Ala	Val	Met	His	Gly	Gly	Leu	Pro	Asp	Gln	Glu	
470					475					480				485		
caa	atg	cgc	ctg	gtg	gat	gag	ttt	aaa	aag	acg	gat	tct	ccc	atc	cgc	1603
Gln	Met	Arg	Leu	Val	Asp	Glu	Phe	Lys	Lys	Thr	Asp	Ser	Pro	Ile	Arg	
				490					495					500		
atc	atg	atc	acc	ggc	gat	gtt	gcc	tca	gaa	ggg	gtg	aac	ctg	cat	act	1651
Ile	Met	Ile	Thr	Gly	Asp	Val	Ala	Ser	Glu	Gly	Val	Asn	Leu	His	Thr	
			505					510					515			
ctc	tgc	cac	aac	ttg	gtg	cac	tat	gac	atc	ccg	tgg	tca	ctg	atc	cgc	1699
Leu	Cys	His	Asn	Leu	Val	His	Tyr	Asp	Ile	Pro	Trp	Ser	Leu	Ile	Arg	
		520					525					530				
att	cag	cag	cgc	aat	ggc	cgt	att	gat	cgt	tat	ggg	caa	acc	cac	aac	1747
Ile	Gln	Gln	Arg	Asn	Gly	Arg	Ile	Asp	Arg	Tyr	Gly	Gln	Thr	His	Asn	
	535					540					545					
cct	tcc	atc	gtt	acc	ttc	ttg	ctc	gat	ccc	gcc	gag	gat	tcc	aaa	gta	1795
Pro	Ser	Ile	Val	Thr	Phe	Leu	Leu	Asp	Pro	Ala	Glu	Asp	Ser	Lys	Val	
550					555					560				565		
ggg	gaa	gtc	cat	gtg	ctg	gag	agg	ctc	atg	gag	cgc	gaa	cat	gag	gcg	1843

Gly	Glu	Val	His	Val	Leu	Glu	Arg	Leu	Met	Glu	Arg	Glu	His	Glu	Ala	
				570					575					580		
cac	tct	ttg	ctc	ggg	gat	gcc	gca	tct	ctc	atg	ggc	aag	cac	tct	gag	1891
His	Ser	Leu	Leu	Gly	Asp	Ala	Ala	Ser	Leu	Met	Gly	Lys	His	Ser	Glu	
			585					590					595			
cgt	ttg	gaa	gaa	gaa	acc	atc	cgc	gaa	gtc	ctg	cgc	ggg	gcc	caa	aac	1939
Arg	Leu	Glu	Glu	Glu	Thr	Ile	Arg	Glu	Val	Leu	Arg	Gly	Ala	Gln	Asn	
		600					605					610				
ttt	aat	gat	gca	gtg	gct	gat	cca	gcg	gaa	gtc	cta	gaa	aac	cca	gca	1987
Phe	Asn	Asp	Ala	Val	Ala	Asp	Pro	Ala	Glu	Val	Leu	Glu	Asn	Pro	Ala	
	615					620					625					
ggc	cta	gat	gat	att	gat	tgg	ttg	cta	gcc	caa	atc	gcc	caa	gcc	gat	2035
Gly	Leu	Asp	Asp	Ile	Asp	Trp	Leu	Leu	Ala	Gln	Ile	Ala	Gln	Ala	Asp	
630					635				640						645	
gcc	aag	gca	gaa	aca	gaa	gca	gaa	gca	gaa	aca	gaa	aac	caa	aca	gca	2083
Ala	Lys	Ala	Glu	Thr	Glu	Ala	Glu	Ala	Glu	Thr	Glu	Asn	Gln	Thr	Ala	
				650					655					660		
cca	gat	gca	gct	tcc	aat	agc	acg	cag	cat	gca	caa	cgc	cgg	ttg	tat	2131
Pro	Asp	Ala	Ala	Ser	Asn	Ser	Thr	Gln	His	Ala	Gln	Arg	Arg	Leu	Tyr	
			665					670					675			
gca	cag	gaa	agc	tct	ttc	ctc	tat	gac	tgc	ctc	ctc	gaa	ggg	ttc	aat	2179
Ala	Gln	Glu	Ser	Ser	Phe	Leu	Tyr	Asp	Cys	Leu	Leu	Glu	Gly	Phe	Asn	
		680					685					690				
aac	gta	ccg	gag	gat	tcc	atc	aac	cgc	ggg	ggc	gtg	ggg	ttc	aaa	aaa	2227
Asn	Val	Pro	Glu	Asp	Ser	Ile	Asn	Arg	Gly	Gly	Val	Gly	Phe	Lys	Lys	
	695					700					705					
cac	gat	aat	gac	atc	gtg	gag	ctc	acc	ccc	acc	gat	gat	ctg	cgc	cgt	2275
His	Asp	Asn	Asp	Ile	Val	Glu	Leu	Thr	Pro	Thr	Asp	Asp	Leu	Arg	Arg	
710					715					720					725	
cgt	cta	gat	ttc	ctc	ccg	cag	gat	tat	gtg	gct	gcc	cgg	aaa	gtt	aag	2323
Arg	Leu	Asp	Phe	Leu	Pro	Gln	Asp	Tyr	Val	Ala	Ala	Arg	Lys	Val	Lys	
				730					735					740		
gaa	gat	ctc	cta	cta	gct	tcc	aca	ctg	atg	cgt	ggc	caa	gaa	cgc	ctc	2371
Glu	Asp	Leu	Leu	Leu	Ala	Ser	Thr	Leu	Met	Arg	Gly	Gln	Glu	Arg	Leu	
			745					750					755			
aac	gct	gcg	cgc	act	ggg	gaa	gat	ggc	agt	acc	tgg	cca	agt	gcc	cac	2419
Asn	Ala	Ala	Arg	Thr	Gly	Glu	Asp	Gly	Ser	Thr	Trp	Pro	Ser	Ala	His	
		760					765					770				
tat	cta	ggc	ccc	ctg	cac	cca	gtc	act	tcg	tgg	gca	gct	gac	cgc	gcg	2467
Tyr	Leu	Gly	Pro	Leu	His	Pro	Val	Thr	Ser	Trp	Ala	Ala	Asp	Arg	Ala	
	775					780					785					
ctg	gca	acc	atg	cca	cgt	tcg	gaa	att	ccg	gcg	gct	agt	ggc	aaa	gtc	2515
Leu	Ala	Thr	Met	Pro	Arg	Ser	Glu	Ile	Pro	Ala	Ala	Ser	Gly	Lys	Val	
790					795					800					805	
aca	gag	cca	acg	gtg	ctg	ctt	atg	tcc	aca	ttg	agc	aat	cgg	cgt	ggc	2563
Thr	Glu	Pro	Thr	Val	Leu	Leu	Met	Ser	Thr	Leu	Ser	Asn	Arg	Arg	Gly	
				810					815					820		
caa	att	gtg	tct	cgt	tct	ttt	gtg	gct	tct	tct	ggc	ccc	ttt	gat	act	2611

Gln Ile Val Ser Arg Ser Phe Val Ala Ser Ser Gly Pro Phe Asp Thr
825 830 835

gag gtg ctg tcc gat ccc atc caa tgg tta cat tcc ata ggc ctc gat 2659
Glu Val Leu Ser Asp Pro Ile Gln Trp Leu His Ser Ile Gly Leu Asp
840 845 850

gaa acc gcc att aac cca ggt acc gct gca ctc ccc gac gat att gag 2707
Glu Thr Ala Ile Asn Pro Gly Thr Ala Ala Leu Pro Asp Asp Ile Glu
855 860 865

cag ctt att tcc ctt gct gtt cag gcc gcc cgc ggc gag atc cgt cca 2755
Gln Leu Ile Ser Leu Ala Val Gln Ala Ala Arg Gly Glu Ile Arg Pro
870 875 880 885

tta atg atc gcc gcc cgc gct cag gct caa act cgc gtt gag cat tgg 2803
Leu Met Ile Ala Ala Arg Ala Gln Ala Gln Thr Arg Val Glu His Trp
890 895 900

gct aag cga gcc gaa gcc tgg aat aac aaa cga agt ggc gca gcg tcc 2851
Ala Lys Arg Ala Glu Ala Trp Asn Asn Lys Arg Ser Gly Ala Ala Ser
905 910 915

acg tcc cgt acc gcg cga act gca aaa ttg att gag gag cag cag aaa 2899
Thr Ser Arg Thr Ala Arg Thr Ala Lys Leu Ile Glu Glu Gln Gln Lys
920 925 930

ttg agt aat gct ctc gag cca gac cgt gaa ctt att agg cct ttg gcc 2947
Leu Ser Asn Ala Leu Glu Pro Asp Arg Glu Leu Ile Arg Pro Leu Ala
935 940 945

gtc att ctt ccg cag ccc gca act ttg aac acc gag gtt taacacaatg 2996
Val Ile Leu Pro Gln Pro Ala Thr Leu Asn Thr Glu Val
950 955 960

agtgcatcttg attcgatcct 3016

<210> 96

<211> 962

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 96

Met Ser Glu Ser Gly Ala Leu Ser Ser Thr Asp Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15

Val Thr Ile Glu Val Arg Asp Glu Ile Trp Leu Val Thr His Val Thr
20 25 30

Arg Ser Thr Asp Gly Phe Arg Val Lys Ala Arg Gly Leu Ser Asp Tyr
35 40 45

Val Arg Asp His Glu Ala Thr Phe Phe Thr Ala Leu Asp Lys Asp Leu
50 55 60

Lys Val Ile Asp Pro Thr Gln Val Thr Val Ser Leu Asp Asp Ser Ser
65 70 75 80

Asn Tyr Arg Arg Thr Arg Leu Trp Leu Glu Ala Thr Met Arg Lys Thr
85 90 95

Pro Val Pro Leu Tyr Gln Glu Ser Leu Ser Val Ala Asp Gln Met Leu

100					105					110						
Ala	Asp	Pro	Leu	Glu	Tyr	Gln	Leu	Ala	Ala	Val	Arg	Lys	Thr	Leu	Ser	
115					120					125						
Ser	Ala	Asn	Leu	Arg	Pro	Arg	Val	Leu	Ile	Ala	Asp	Ala	Val	Gly	Leu	
130					135					140						
Gly	Lys	Thr	Leu	Glu	Met	Gly	Met	Ile	Leu	Ala	Glu	Leu	Ile	Arg	Arg	
145					150					155					160	
Gly	Arg	Gly	Glu	Arg	Ile	Leu	Val	Val	Thr	Pro	Arg	His	Ile	Met	Glu	
165					170					175						
Gln	Phe	Gln	Gln	Glu	Met	Trp	Thr	Arg	Phe	Ala	Ile	Pro	Leu	Val	Arg	
180					185					190						
Leu	Asp	Ser	Val	Gly	Ile	Gln	Gln	Val	Arg	Gln	Lys	Leu	Pro	Ala	Ser	
195					200					205						
Arg	Asn	Pro	Phe	Thr	Tyr	Phe	Pro	Arg	Val	Ile	Val	Ser	Met	Asp	Thr	
210					215					220						
Leu	Lys	Ser	Pro	Lys	Tyr	Arg	Ala	Gln	Leu	Glu	Lys	Val	His	Trp	Asp	
225					230					235					240	
Ala	Val	Val	Ile	Asp	Glu	Ile	His	Asn	Ala	Thr	Asn	Ala	Gly	Thr	Gln	
245					250					255						
Asn	Asn	Glu	Leu	Ala	Arg	Thr	Leu	Ala	Pro	Thr	Ala	Glu	Ala	Leu	Ile	
260					265					270						
Leu	Ala	Ser	Ala	Thr	Pro	His	Asn	Gly	Asp	Pro	Glu	Ser	Phe	Lys	Glu	
275					280					285						
Ile	Leu	Arg	Leu	Leu	Asp	Pro	Thr	Ala	Val	Met	Pro	Asp	Gly	Thr	Ile	
290					295					300						
Asp	Ala	Glu	Ala	Ala	Gln	Arg	Leu	Ile	Ile	Arg	Arg	His	Arg	Asn	Ser	
305					310					315					320	
Pro	Glu	Val	Ser	Gly	Phe	Val	Gly	Glu	Lys	Trp	Ala	Pro	Arg	Asn	Glu	
325					330					335						
Pro	Gln	Asn	Phe	Leu	Val	Ala	Ala	Ser	Lys	Glu	Glu	Asn	Gly	Val	Ala	
340					345					350						
Ala	Glu	Leu	Asn	His	Val	Trp	Ile	Ser	Pro	Gly	Ala	Ser	Asn	Pro	Ile	
355					360					365						
Lys	Asp	Arg	Leu	Phe	Pro	Trp	Thr	Leu	Val	Lys	Ala	Phe	Leu	Ser	Ser	
370					375					380						
Pro	Ala	Ala	Leu	Gly	Glu	Thr	Val	Ser	Asn	Arg	Leu	Lys	Lys	Ala	Ser	
385					390					395					400	
Ala	Pro	Glu	Glu	Lys	Arg	Ala	Leu	Glu	Thr	Leu	Ser	Gln	Leu	Asn	Ser	
405					410					415						
Ala	Ile	Thr	Pro	Gln	Thr	Ser	Gln	Lys	Tyr	Gln	Ser	Leu	Leu	Ser	Tyr	
420					425					430						
Leu	Gly	Asp	Ile	Gly	Val	Lys	Lys	Asn	Ser	Asp	Thr	Arg	Val	Val	Ile	
435					440					445						

Phe Ser Glu Arg Val Ala Thr Leu His Trp Leu Gln Glu Asn Leu Ile
 450 455 460
 Arg Asp Leu Lys Met Pro Pro Asn Ser Ile Ala Val Met His Gly Gly
 465 470 475 480
 Leu Pro Asp Gln Glu Gln Met Arg Leu Val Asp Glu Phe Lys Lys Thr
 485 490 495
 Asp Ser Pro Ile Arg Ile Met Ile Thr Gly Asp Val Ala Ser Glu Gly
 500 505 510
 Val Asn Leu His Thr Leu Cys His Asn Leu Val His Tyr Asp Ile Pro
 515 520 525
 Trp Ser Leu Ile Arg Ile Gln Gln Arg Asn Gly Arg Ile Asp Arg Tyr
 530 535 540
 Gly Gln Thr His Asn Pro Ser Ile Val Thr Phe Leu Leu Asp Pro Ala
 545 550 555 560
 Glu Asp Ser Lys Val Gly Glu Val His Val Leu Glu Arg Leu Met Glu
 565 570 575
 Arg Glu His Glu Ala His Ser Leu Leu Gly Asp Ala Ala Ser Leu Met
 580 585 590
 Gly Lys His Ser Glu Arg Leu Glu Glu Glu Thr Ile Arg Glu Val Leu
 595 600 605
 Arg Gly Ala Gln Asn Phe Asn Asp Ala Val Ala Asp Pro Ala Glu Val
 610 615 620
 Leu Glu Asn Pro Ala Gly Leu Asp Asp Ile Asp Trp Leu Leu Ala Gln
 625 630 635 640
 Ile Ala Gln Ala Asp Ala Lys Ala Glu Thr Glu Ala Glu Ala Glu Thr
 645 650 655
 Glu Asn Gln Thr Ala Pro Asp Ala Ala Ser Asn Ser Thr Gln His Ala
 660 665 670
 Gln Arg Arg Leu Tyr Ala Gln Glu Ser Ser Phe Leu Tyr Asp Cys Leu
 675 680 685
 Leu Glu Gly Phe Asn Asn Val Pro Glu Asp Ser Ile Asn Arg Gly Gly
 690 695 700
 Val Gly Phe Lys Lys His Asp Asn Asp Ile Val Glu Leu Thr Pro Thr
 705 710 715 720
 Asp Asp Leu Arg Arg Arg Leu Asp Phe Leu Pro Gln Asp Tyr Val Ala
 725 730 735
 Ala Arg Lys Val Lys Glu Asp Leu Leu Leu Ala Ser Thr Leu Met Arg
 740 745 750
 Gly Gln Glu Arg Leu Asn Ala Ala Arg Thr Gly Glu Asp Gly Ser Thr
 755 760 765
 Trp Pro Ser Ala His Tyr Leu Gly Pro Leu His Pro Val Thr Ser Trp
 770 775 780
 Ala Ala Asp Arg Ala Leu Ala Thr Met Pro Arg Ser Glu Ile Pro Ala

785		790		795		800
Ala Ser Gly Lys Val Thr Glu Pro Thr Val Leu Leu Met Ser Thr Leu						
		805		810		815
Ser Asn Arg Arg Gly Gln Ile Val Ser Arg Ser Phe Val Ala Ser Ser						
		820		825		830
Gly Pro Phe Asp Thr Glu Val Leu Ser Asp Pro Ile Gln Trp Leu His						
		835		840		845
Ser Ile Gly Leu Asp Glu Thr Ala Ile Asn Pro Gly Thr Ala Ala Leu						
		850		855		860
Pro Asp Asp Ile Glu Gln Leu Ile Ser Leu Ala Val Gln Ala Ala Arg						
		865		870		875
Gly Glu Ile Arg Pro Leu Met Ile Ala Ala Arg Ala Gln Ala Gln Thr						
		885		890		895
Arg Val Glu His Trp Ala Lys Arg Ala Glu Ala Trp Asn Asn Lys Arg						
		900		905		910
Ser Gly Ala Ala Ser Thr Ser Arg Thr Ala Arg Thr Ala Lys Leu Ile						
		915		920		925
Glu Glu Gln Gln Lys Leu Ser Asn Ala Leu Glu Pro Asp Arg Glu Leu						
		930		935		940
Ile Arg Pro Leu Ala Val Ile Leu Pro Gln Pro Ala Thr Leu Asn Thr						
		945		950		955
						960
Glu Val						

<210> 97

<211> 1624

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1594)

<223> RXA03793

<400> 97

atggaaagaa gctaggcgga aagggcggtta agtacttgcc atttaatcct cagcatcact 60

cggatcagtc	ggagatgtcg	atgaaaatgc	accaggagcc	gtg	gag	agc	agc	atg	115
				Val	Glu	Ser	Ser	Met	
				1				5	

gta	gaa	aac	aac	gta	gca	aaa	aag	acg	gtc	gct	aaa	aag	acc	gca	cgc	163
Val	Glu	Asn	Asn	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Val	Ala	Lys	Lys	Thr	Ala	Arg	
				10				15					20			

aag	acc	gca	cgc	aaa	gca	gcc	ccg	cgc	gtg	gca	acc	cca	ttg	gga	gtc	211
Lys	Thr	Ala	Arg	Lys	Ala	Ala	Pro	Arg	Val	Ala	Thr	Pro	Leu	Gly	Val	
				25				30					35			

gca	tct	gag	tct	ccc	att	tcg	gcc	acc	cct	gcg	cgc	agc	atc	gat	gga	259
Ala	Ser	Glu	Ser	Pro	Ile	Ser	Ala	Thr	Pro	Ala	Arg	Ser	Ile	Asp	Gly	
				40			45					50				

acc tca acc cct gtt gaa gct gct gac acc ata gag acc acc gcc cct	307
Thr Ser Thr Pro Val Glu Ala Ala Asp Thr Ile Glu Thr Thr Ala Pro	
55 60 65	
gca gcg aag gct cct gcg gcc aag gct ccc gct aaa aag gtt gcc aag	355
Ala Ala Lys Ala Pro Ala Ala Lys Ala Pro Ala Lys Lys Val Ala Lys	
70 75 80 85	
aag aca gct cgc aag gca cct gcg aaa aag act gtc gcc aag aaa gcc	403
Lys Thr Ala Arg Lys Ala Pro Ala Lys Lys Thr Val Ala Lys Lys Ala	
90 95 100	
aca acc gcc aag gct gca cct gca act gcc aag gac gaa aac gca cct	451
Thr Thr Ala Lys Ala Ala Pro Ala Thr Ala Lys Asp Glu Asn Ala Pro	
105 110 115	
gtt gat gac gac gag gag aac ctc gct cag gat gaa cag gac ttc gac	499
Val Asp Asp Asp Glu Glu Asn Leu Ala Gln Asp Glu Gln Asp Phe Asp	
120 125 130	
ggc gat gac ttc gta gac ggc atc gaa gac gaa gaa gat gaa gac ggc	547
Gly Asp Asp Phe Val Asp Gly Ile Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Gly	
135 140 145	
gtc gaa gcc ctc ggt gaa gaa agc gaa gac gac gaa gag gac ggc tca	595
Val Glu Ala Leu Gly Glu Glu Ser Glu Asp Asp Glu Glu Asp Gly Ser	
150 155 160 165	
tcc gtt tgg gat gaa gac gaa tcc gca acc ctg cgt cag gca cgt aaa	643
Ser Val Trp Asp Glu Asp Glu Ser Ala Thr Leu Arg Gln Ala Arg Lys	
170 175 180	
gat gcc gag ctc acc gct tcc gcc gac tct gtt cgc gct tac ctg aag	691
Asp Ala Glu Leu Thr Ala Ser Ala Asp Ser Val Arg Ala Tyr Leu Lys	
185 190 195	
caa atc ggt aaa gtt gcc ctg ctg aac gct gaa cag gaa gtc tcc ctg	739
Gln Ile Gly Lys Val Ala Leu Leu Asn Ala Glu Gln Glu Val Ser Leu	
200 205 210	
gca aag cgc atc gaa gca ggc ctt tac gcc acc cac cgc atg gag gaa	787
Ala Lys Arg Ile Glu Ala Gly Leu Tyr Ala Thr His Arg Met Glu Glu	
215 220 225	
atg gaa gaa gct ttc gca gcc ggt gac aag gac gcg aaa ctc acc cca	835
Met Glu Glu Ala Phe Ala Ala Gly Asp Lys Asp Ala Lys Leu Thr Pro	
230 235 240 245	
gcc gtc aag cgt gac ctc cgc gcc atc gct cgt gac ggc cgc aag gcg	883
Ala Val Lys Arg Asp Leu Arg Ala Ile Ala Arg Asp Gly Arg Lys Ala	
250 255 260	
aaa aac cac ctc ctg gaa gcc aac ctt cgt ctg gtt gtc tcc ctg gca	931
Lys Asn His Leu Leu Glu Ala Asn Leu Arg Leu Val Val Ser Leu Ala	
265 270 275	
aag cgc tac acc ggc cgt ggc atg gca ttc ctg gac ctc atc cag gaa	979
Lys Arg Tyr Thr Gly Arg Gly Met Ala Phe Leu Asp Leu Ile Gln Glu	
280 285 290	
ggc aac ctc ggt ctg att cgt gcc gta gag aag ttc gac tac tcc aag	1027
Gly Asn Leu Gly Leu Ile Arg Ala Val Glu Lys Phe Asp Tyr Ser Lys	
295 300 305	

ggc tac aag ttc tcc acc tac gca acc tgg tgg atc cgt cag gca atc 1075
 Gly Tyr Lys Phe Ser Thr Tyr Ala Thr Trp Trp Ile Arg Gln Ala Ile
 310 315 320 325

acc cgc gcc atg gcc gac caa gca cga acc atc cgt atc cca gtc cac 1123
 Thr Arg Ala Met Ala Asp Gln Ala Arg Thr Ile Arg Ile Pro Val His
 330 335 340

atg gtt gaa gtg atc aac aaa ctt ggt cgc atc caa cgt gaa ctc ctt 1171
 Met Val Glu Val Ile Asn Lys Leu Gly Arg Ile Gln Arg Glu Leu Leu
 345 350 355

cag gaa ctc ggc cgc gaa cca acc cca cag gaa ctg tcc aaa gaa atg 1219
 Gln Glu Leu Gly Arg Glu Pro Thr Pro Gln Glu Leu Ser Lys Glu Met
 360 365 370

gac atc tcc gag gaa aag gta ctg gaa atc cag cag tac gcc cgc gaa 1267
 Asp Ile Ser Glu Glu Lys Val Leu Glu Ile Gln Gln Tyr Ala Arg Glu
 375 380 385

cca atc tcc ctg gac caa acc atc ggc gac gaa ggc gac agc cag ctc 1315
 Pro Ile Ser Leu Asp Gln Thr Ile Gly Asp Glu Gly Asp Ser Gln Leu
 390 395 400 405

ggc gac ttc atc gaa gac tcc gaa gcc gtc gtc gca gtc gac gcc gtc 1363
 Gly Asp Phe Ile Glu Asp Ser Glu Ala Val Val Ala Val Asp Ala Val
 410 415 420

tca ttc acc ctg ctg caa gac cag cta cag gac gtc cta gag acc ctc 1411
 Ser Phe Thr Leu Leu Gln Asp Gln Leu Gln Asp Val Leu Glu Thr Leu
 425 430 435

tcc gaa cgt gaa gcc ggc gtg gtt aaa ctc cgc ttc gga ctc acc gac 1459
 Ser Glu Arg Glu Ala Gly Val Val Lys Leu Arg Phe Gly Leu Thr Asp
 440 445 450

gga atg cca cgc act tta gac gaa atc ggc caa gtt tac ggt gtc acc 1507
 Gly Met Pro Arg Thr Leu Asp Glu Ile Gly Gln Val Tyr Gly Val Thr
 455 460 465

cgt gag cgc atc cgc cag att gag tcc aag acc atg tct aag ctg cgc 1555
 Arg Glu Arg Ile Arg Gln Ile Glu Ser Lys Thr Met Ser Lys Leu Arg
 470 475 480 485

cac cca tca cgc tcc cag gtc ctt cgc gac tac ctg gac taaaacccca 1604
 His Pro Ser Arg Ser Gln Val Leu Arg Asp Tyr Leu Asp
 490 495

gtcgggctca agaccgggccc 1624

<210> 98

<211> 498

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 98

Val Glu Ser Ser Met Val Glu Asn Asn Val Ala Lys Lys Thr Val Ala
 1 5 10 15

Lys Lys Thr Ala Arg Lys Thr Ala Arg Lys Ala Ala Pro Arg Val Ala
 20 25 30

Thr Pro Leu Gly Val Ala Ser Glu Ser Pro Ile Ser Ala Thr Pro Ala
 35 40 45
 Arg Ser Ile Asp Gly Thr Ser Thr Pro Val Glu Ala Ala Asp Thr Ile
 50 55 60
 Glu Thr Thr Ala Pro Ala Ala Lys Ala Pro Ala Ala Lys Ala Pro Ala
 65 70 75 80
 Lys Lys Val Ala Lys Lys Thr Ala Arg Lys Ala Pro Ala Lys Lys Thr
 85 90 95
 Val Ala Lys Lys Ala Thr Thr Ala Lys Ala Ala Pro Ala Thr Ala Lys
 100 105 110
 Asp Glu Asn Ala Pro Val Asp Asp Asp Glu Glu Asn Leu Ala Gln Asp
 115 120 125
 Glu Gln Asp Phe Asp Gly Asp Asp Phe Val Asp Gly Ile Glu Asp Glu
 130 135 140
 Glu Asp Glu Asp Gly Val Glu Ala Leu Gly Glu Glu Ser Glu Asp Asp
 145 150 155 160
 Glu Glu Asp Gly Ser Ser Val Trp Asp Glu Asp Glu Ser Ala Thr Leu
 165 170 175
 Arg Gln Ala Arg Lys Asp Ala Glu Leu Thr Ala Ser Ala Asp Ser Val
 180 185 190
 Arg Ala Tyr Leu Lys Gln Ile Gly Lys Val Ala Leu Leu Asn Ala Glu
 195 200 205
 Gln Glu Val Ser Leu Ala Lys Arg Ile Glu Ala Gly Leu Tyr Ala Thr
 210 215 220
 His Arg Met Glu Glu Met Glu Glu Ala Phe Ala Ala Gly Asp Lys Asp
 225 230 235 240
 Ala Lys Leu Thr Pro Ala Val Lys Arg Asp Leu Arg Ala Ile Ala Arg
 245 250 255
 Asp Gly Arg Lys Ala Lys Asn His Leu Leu Glu Ala Asn Leu Arg Leu
 260 265 270
 Val Val Ser Leu Ala Lys Arg Tyr Thr Gly Arg Gly Met Ala Phe Leu
 275 280 285
 Asp Leu Ile Gln Glu Gly Asn Leu Gly Leu Ile Arg Ala Val Glu Lys
 290 295 300
 Phe Asp Tyr Ser Lys Gly Tyr Lys Phe Ser Thr Tyr Ala Thr Trp Trp
 305 310 315 320
 Ile Arg Gln Ala Ile Thr Arg Ala Met Ala Asp Gln Ala Arg Thr Ile
 325 330 335
 Arg Ile Pro Val His Met Val Glu Val Ile Asn Lys Leu Gly Arg Ile
 340 345 350
 Gln Arg Glu Leu Leu Gln Glu Leu Gly Arg Glu Pro Thr Pro Gln Glu
 355 360 365
 Leu Ser Lys Glu Met Asp Ile Ser Glu Glu Lys Val Leu Glu Ile Gln

370 375 380
 Gln Tyr Ala Arg Glu Pro Ile Ser Leu Asp Gln Thr Ile Gly Asp Glu
 385 390 395 400
 Gly Asp Ser Gln Leu Gly Asp Phe Ile Glu Asp Ser Glu Ala Val Val
 405 410 415
 Ala Val Asp Ala Val Ser Phe Thr Leu Leu Gln Asp Gln Leu Gln Asp
 420 425 430
 Val Leu Glu Thr Leu Ser Glu Arg Glu Ala Gly Val Val Lys Leu Arg
 435 440 445
 Phe Gly Leu Thr Asp Gly Met Pro Arg Thr Leu Asp Glu Ile Gly Gln
 450 455 460
 Val Tyr Gly Val Thr Arg Glu Arg Ile Arg Gln Ile Glu Ser Lys Thr
 465 470 475 480
 Met Ser Lys Leu Arg His Pro Ser Arg Ser Gln Val Leu Arg Asp Tyr
 485 490 495

Leu Asp

<210> 99
 <211> 1234
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1204)
 <223> RXA06048

<400> 99
 agccgctgct gcagcgtgtc agacattttg gccgtcacct tatcaagttt gtgggtgctat 60
 cttagagcgc tatatccagc aggggtgcca gtttggtgg atg ttg ttg ctt act 115
 Met Leu Leu Leu Thr
 1 5
 gaa ggc caa gcg ctt aac cct gat ggt cag gga tat cgt cag cgg ttt 163
 Glu Gly Gln Ala Leu Asn Pro Asp Gly Gln Gly Tyr Arg Gln Arg Phe
 10 15 20
 atg aat ggg ttt atc tat tgg cat cct tct act ggt gcg cac gcg gtt 211
 Met Asn Gly Phe Ile Tyr Trp His Pro Ser Thr Gly Ala His Ala Val
 25 30 35
 aat aat tac agt gca caa gtc tgg gag cgt aac ggt tgg gag tct ggg 259
 Asn Asn Tyr Ser Ala Gln Val Trp Glu Arg Asn Gly Trp Glu Ser Gly
 40 45 50
 tgg atg ggg tat ccc act ggt ggt gaa gtc cct gtg tct ggg tct aat 307
 Trp Met Gly Tyr Pro Thr Gly Gly Glu Val Pro Val Ser Gly Ser Asn
 55 60 65
 ccg att gat ggt gag ttg agt ggg tgg gtg caa acc ttc caa ggt ggg 355
 Pro Ile Asp Gly Glu Leu Ser Gly Trp Val Gln Thr Phe Gln Gly Gly
 70 75 80 85

cga gtg tat cgc agt ccg gta ttg gac ggt ttc cag gtg gcc agt att	403
Arg Val Tyr Arg Ser Pro Val Leu Asp Gly Phe Gln Val Ala Ser Ile	
90 95 100	
aat ggg ctg atc ttg gat aaa tgg ctt gaa ttg ggt ggt cct gat agt	451
Asn Gly Leu Ile Leu Asp Lys Trp Leu Glu Leu Gly Gly Pro Asp Ser	
105 110 115	
gac ctt ggt ttt ccc att gcg gat gag gct gtg aca gct gac ggt gtg	499
Asp Leu Gly Phe Pro Ile Ala Asp Glu Ala Val Thr Ala Asp Gly Val	
120 125 130	
ggc aga ttt tct gtt ttc cag aac gga gtt gtc tac tgg cat ccg caa	547
Gly Arg Phe Ser Val Phe Gln Asn Gly Val Val Tyr Trp His Pro Gln	
135 140 145	
cac gga gct cac cct ata tta ggg aat ata tac agc atc tgg aga gaa	595
His Gly Ala His Pro Ile Leu Gly Asn Ile Tyr Ser Ile Trp Arg Glu	
150 155 160 165	
gaa gga gct gag agt ggg gaa ttc ggt tac cct atc ggc gat cca gaa	643
Glu Gly Ala Glu Ser Gly Glu Phe Gly Tyr Pro Ile Gly Asp Pro Glu	
170 175 180	
aag tat aca gaa aac atg gct aat cag gta ttc gaa aaa ggc gaa ctt	691
Lys Tyr Thr Glu Asn Met Ala Asn Gln Val Phe Glu Lys Gly Glu Leu	
185 190 195	
gca gct aac cta tac ccc aat cct ctt gag gct ttt att gag ttt tta	739
Ala Ala Asn Leu Tyr Pro Asn Pro Leu Glu Ala Phe Ile Glu Phe Leu	
200 205 210	
ccc ttt gct aat ctt gag gaa gca ata gag tat ttt gag aac gga ttg	787
Pro Phe Ala Asn Leu Glu Glu Ala Ile Glu Tyr Phe Glu Asn Gly Leu	
215 220 225	
tca aat tct cgt gta gag gcg aat tca ctt aac gcc aag aaa gat tcg	835
Ser Asn Ser Arg Val Glu Ala Asn Ser Leu Asn Ala Lys Lys Asp Ser	
230 235 240 245	
att caa tgt caa tcg caa tcc gct aac att cat gtg aga acg aag agt	883
Ile Gln Cys Gln Ser Gln Ser Ala Asn Ile His Val Arg Thr Lys Ser	
250 255 260	
gac gga gtc ggg att agg gtt cca aag att ggg ttt aag gct agg atg	931
Asp Gly Val Gly Ile Arg Val Pro Lys Ile Gly Phe Lys Ala Arg Met	
265 270 275	
gat tgc gac ctt cct gga act gtc tca gat gta gtg ggg tat gga tgg	979
Asp Cys Asp Leu Pro Gly Thr Val Ser Asp Val Val Gly Tyr Gly Trp	
280 285 290	
att tac tac gac tat tgg gga cga tgg gct caa gca gca tat gca caa	1027
Ile Tyr Tyr Asp Tyr Trp Gly Arg Trp Ala Gln Ala Ala Tyr Ala Gln	
295 300 305	
caa ttc ttc ggt aat agg aat tct gtt gtg caa acc aat tta gag gcg	1075
Gln Phe Phe Gly Asn Arg Asn Ser Val Val Gln Thr Asn Leu Glu Ala	
310 315 320 325	
ggt tgc agc ggg gag aag aat aca tta ttt tgg ggt act tca tat ttt	1123
Gly Cys Ser Gly Glu Lys Asn Thr Leu Phe Trp Gly Thr Ser Tyr Phe	
330 335 340	

cag gtg act tat gaa ggt cag ccg tat ttc ggt cag tca gca act aac 1171
 Gln Val Thr Tyr Glu Gly Gln Pro Tyr Phe Gly Gln Ser Ala Thr Asn
 345 350 355

tac gct tat ctt ccg tgt acg ata gac cgt agt taacataagg aatggaatag 1224
 Tyr Ala Tyr Leu Pro Cys Thr Ile Asp Arg Ser
 360 365

gagaattgcg 1234

<210> 100

<211> 368

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 100

Met Leu Leu Leu Thr Glu Gly Gln Ala Leu Asn Pro Asp Gly Gln Gly
 1 5 10 15

Tyr Arg Gln Arg Phe Met Asn Gly Phe Ile Tyr Trp His Pro Ser Thr
 20 25 30

Gly Ala His Ala Val Asn Asn Tyr Ser Ala Gln Val Trp Glu Arg Asn
 35 40 45

Gly Trp Glu Ser Gly Trp Met Gly Tyr Pro Thr Gly Gly Glu Val Pro
 50 55 60

Val Ser Gly Ser Asn Pro Ile Asp Gly Glu Leu Ser Gly Trp Val Gln
 65 70 75 80

Thr Phe Gln Gly Gly Arg Val Tyr Arg Ser Pro Val Leu Asp Gly Phe
 85 90 95

Gln Val Ala Ser Ile Asn Gly Leu Ile Leu Asp Lys Trp Leu Glu Leu
 100 105 110

Gly Gly Pro Asp Ser Asp Leu Gly Phe Pro Ile Ala Asp Glu Ala Val
 115 120 125

Thr Ala Asp Gly Val Gly Arg Phe Ser Val Phe Gln Asn Gly Val Val
 130 135 140

Tyr Trp His Pro Gln His Gly Ala His Pro Ile Leu Gly Asn Ile Tyr
 145 150 155 160

Ser Ile Trp Arg Glu Glu Gly Ala Glu Ser Gly Glu Phe Gly Tyr Pro
 165 170 175

Ile Gly Asp Pro Glu Lys Tyr Thr Glu Asn Met Ala Asn Gln Val Phe
 180 185 190

Glu Lys Gly Glu Leu Ala Ala Asn Leu Tyr Pro Asn Pro Leu Glu Ala
 195 200 205

Phe Ile Glu Phe Leu Pro Phe Ala Asn Leu Glu Glu Ala Ile Glu Tyr
 210 215 220

Phe Glu Asn Gly Leu Ser Asn Ser Arg Val Glu Ala Asn Ser Leu Asn
 225 230 235 240

Ala Lys Lys Asp Ser Ile Gln Cys Gln Ser Gln Ser Ala Asn Ile His

<400> 101																	
atg	gct	aaa	agc	att	ctt	tcc	cga	ttc	cga	cct	caa	gta	gcg	gag	tgg	48	
Met	Ala	Lys	Ser	Ile	Leu	Ser	Arg	Phe	Arg	Pro	Gln	Val	Ala	Glu	Trp		
1				5					10					15			
ttc	cgg	gat	gtc	ttt	gca	tct	ccg	acc	cct	gtt	cag	gag	gga	acg	tgg	96	
Phe	Arg	Asp	Val	Phe	Ala	Ser	Pro	Thr	Pro	Val	Gln	Glu	Gly	Thr	Trp		
			20					25					30				
gag	gcg	gta	tct	aag	ggg	aag	aat	gcc	ctc	gtg	gtg	gcg	ccg	acc	ggg	144	
Glu	Ala	Val	Ser	Lys	Gly	Lys	Asn	Ala	Leu	Val	Val	Ala	Pro	Thr	Gly		
		35					40					45					
agt	ggt	aaa	acc	ttg	gct	gcg	ttt	ttg	tgg	gcg	tta	gat	tcc	ctc	act	192	
Ser	Gly	Lys	Thr	Leu	Ala	Ala	Phe	Leu	Trp	Ala	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr		
	50					55					60						
gaa	caa	aca	ggt	caa	cag	gtt	tta	gac	acg	gga	aca	ccg	gtg	cct	gtt	240	
Glu	Gln	Thr	Gly	Gln	Gln	Val	Leu	Asp	Thr	Gly	Thr	Pro	Val	Pro	Val		
65					70					75				80			
cgt	ggt	ggg	aaa	gtg	aaa	gtg	ctc	tac	att	tcc	cca	ctc	aaa	gcg	ctt	288	
Arg	Gly	Gly	Lys	Val	Lys	Val	Leu	Tyr	Ile	Ser	Pro	Leu	Lys	Ala	Leu		
				85					90					95			
ggc	gtg	gat	gta	gaa	aat	aat	ctg	cgt	gca	ccg	ttg	acc	ggt	att	gcg	336	
Gly	Val	Asp	Val	Glu	Asn	Asn	Leu	Arg	Ala	Pro	Leu	Thr	Gly	Ile	Ala		

100						105						110						
agg	act	gcc	tct	cgg	atg	ggt	ttg	gat	gtg	ccc	aat	atc	act	gtg	gcg	384		
Arg	Thr	Ala	Ser	Arg	Met	Gly	Leu	Asp	Val	Pro	Asn	Ile	Thr	Val	Ala			
		115					120					125						
gtt	cgt	tcg	ggt	gat	acg	cca	tcg	gcg	gag	cgg	gcc	cgg	cag	gtg	cgt	432		
Val	Arg	Ser	Gly	Asp	Thr	Pro	Ser	Ala	Glu	Arg	Ala	Arg	Gln	Val	Arg			
		130					135				140							
aag	cct	cca	gac	att	ttg	atc	acc	act	ccg	gag	tcg	gcg	tat	ttg	atg	480		
Lys	Pro	Pro	Asp	Ile	Leu	Ile	Thr	Thr	Pro	Glu	Ser	Ala	Tyr	Leu	Met			
145					150					155					160			
ttg	acc	tca	aaa	gcg	ggg	gcg	acc	ctt	tcg	gat	gtt	gat	gtg	gtg	atc	528		
Leu	Thr	Ser	Lys	Ala	Gly	Ala	Thr	Leu	Ser	Asp	Val	Asp	Val	Val	Ile			
				165					170					175				
atc	gat	gaa	atc	cac	gcc	atg	gcc	gga	acc	aaa	cgg	gga	gtg	cat	ctg	576		
Ile	Asp	Glu	Ile	His	Ala	Met	Ala	Gly	Thr	Lys	Arg	Gly	Val	His	Leu			
				180				185					190					
gcg	ttg	acg	ctg	gag	cgt	ttg	gaa	aag	ctc	gtg	ggg	cgg	cct	gtg	cag	624		
Ala	Leu	Thr	Leu	Glu	Arg	Leu	Glu	Lys	Leu	Val	Gly	Arg	Pro	Val	Gln			
		195					200					205						
cga	gtt	ggt	ttg	tct	gca	acg	gtg	cgt	cct	ttg	gaa	acg	gtg	gcg	ggt	672		
Arg	Val	Gly	Leu	Ser	Ala	Thr	Val	Arg	Pro	Leu	Glu	Thr	Val	Ala	Gly			
	210						215				220							
ttc	ttg	ggc	ggt	ggc	aga	ccc	gtt	gag	att	gtg	gct	cca	cct	gcg	gag	720		
Phe	Leu	Gly	Gly	Gly	Arg	Pro	Val	Glu	Ile	Val	Ala	Pro	Pro	Ala	Glu			
225					230					235					240			
aaa	aag	tgg	gat	ctc	act	gtc	act	gtg	ccg	gtg	gaa	gac	atg	tcg	gat	768		
Lys	Lys	Trp	Asp	Leu	Thr	Val	Thr	Val	Pro	Val	Glu	Asp	Met	Ser	Asp			
				245					250				255					
ttg	ccg	gtt	cag	gag	ccg	gga	tca	act	att	ggt	gaa	cta	gtc	atg	gat	816		
Leu	Pro	Val	Gln	Glu	Pro	Gly	Ser	Thr	Ile	Gly	Glu	Leu	Val	Met	Asp			
			260					265					270					
gat	ccg	ttg	ggg	att	act	ggc	gaa	tca	gcg	ctg	cct	act	caa	ggc	tcg	864		
Asp	Pro	Leu	Gly	Ile	Thr	Gly	Glu	Ser	Ala	Leu	Pro	Thr	Gln	Gly	Ser			
		275					280					285						
att	tgg	cca	cac	att	gag	cag	cag	gtg	tac	aac	cag	gtg	atg	tcg	gcg	912		
Ile	Trp	Pro	His	Ile	Glu	Gln	Gln	Val	Tyr	Asn	Gln	Val	Met	Ser	Ala			
	290						295				300							
aaa	tcg	acc	atc	gtg	ttt	gta	aat	tcc	agg	cgt	tcc	gcg	gag	cgt	tta	960		
Lys	Ser	Thr	Ile	Val	Phe	Val	Asn	Ser	Arg	Arg	Ser	Ala	Glu	Arg	Leu			
305					310					315					320			
acc	agt	cgg	ttg	aat	gaa	atc	tgg	gcg	atg	gaa	cac	gat	ccg	gaa	tcg	1008		
Thr	Ser	Arg	Leu	Asn	Glu	Ile	Trp	Ala	Met	Glu	His	Asp	Pro	Glu	Ser			
				325					330					335				
ctg	tcg	ccg	cag	ctg	cga	aga	gat	ccg	gcg	cag	att	atg	tcg	tca	gcg	1056		
Leu	Ser	Pro	Gln	Leu	Arg	Arg	Asp	Pro	Ala	Gln	Ile	Met	Ser	Ser	Ala			
			340					345					350					
gat	gtg	gca	gga	aaa	gca	cca	cag	gtg	atc	gca	cgt	gcg	cac	cac	gga	1104		

Asp	Val	Ala	Gly	Lys	Ala	Pro	Gln	Val	Ile	Ala	Arg	Ala	His	His	Gly	
	355						360					365				
tcc	gta	tcc	aaa	gat	gaa	cgt	gcc	acc	acc	gaa	acc	atg	ctg	aag	gaa	1152
Ser	Val	Ser	Lys	Asp	Glu	Arg	Ala	Thr	Thr	Glu	Thr	Met	Leu	Lys	Glu	
	370					375					380					
ggt	cgg	ttg	cgc	gca	gtt	att	tcc	acc	tcc	tcg	ctg	gag	ttg	ggc	att	1200
Gly	Arg	Leu	Arg	Ala	Val	Ile	Ser	Thr	Ser	Ser	Leu	Glu	Leu	Gly	Ile	
	385				390					395					400	
gat	atg	ggt	gcc	gtg	gac	ctg	gtg	att	cag	gtg	gaa	tcg	cca	ccg	tcc	1248
Asp	Met	Gly	Ala	Val	Asp	Leu	Val	Ile	Gln	Val	Glu	Ser	Pro	Pro	Ser	
				405					410					415		
gtg	gca	agt	ggc	ctg	cag	cgc	gtg	ggg	cgt	gcg	ggg	cac	acg	gtg	ggg	1296
Val	Ala	Ser	Gly	Leu	Gln	Arg	Val	Gly	Arg	Ala	Gly	His	Thr	Val	Gly	
			420					425					430			
gcg	acg	tcg	ata	ggc	tcc	ttt	tat	ccc	aag	cac	cgc	tcc	gac	ttg	gtg	1344
Ala	Thr	Ser	Ile	Gly	Ser	Phe	Tyr	Pro	Lys	His	Arg	Ser	Asp	Leu	Val	
			435				440						445			
caa	acc	gcg	gtg	acc	gtg	cag	cgg	atg	aag	gaa	ggg	ctg	atc	gaa	gag	1392
Gln	Thr	Ala	Val	Thr	Val	Gln	Arg	Met	Lys	Glu	Gly	Leu	Ile	Glu	Glu	
	450					455					460					
atc	cac	gtg	ccc	aaa	aac	gcg	ctt	gat	gta	ctg	gca	cag	cag	acg	gtg	1440
Ile	His	Val	Pro	Lys	Asn	Ala	Leu	Asp	Val	Leu	Ala	Gln	Gln	Thr	Val	
	465				470					475					480	
gcg	gct	gtc	tcg	att	aaa	gat	gtg	cag	gtc	gat	gag	tgg	tac	gag	act	1488
Ala	Ala	Val	Ser	Ile	Lys	Asp	Val	Gln	Val	Asp	Glu	Trp	Tyr	Glu	Thr	
				485					490					495		
att	cgc	aag	gcg	tat	ccg	tac	cgg	gat	ttg	gcg	cgc	gaa	gtc	ttc	gat	1536
Ile	Arg	Lys	Ala	Tyr	Pro	Tyr	Arg	Asp	Leu	Ala	Arg	Glu	Val	Phe	Asp	
			500					505					510			
tcc	gtc	atc	gac	ctg	gtc	agc	ggt	gtg	tat	ccc	tcc	aca	gat	ttt	gcc	1584
Ser	Val	Ile	Asp	Leu	Val	Ser	Gly	Val	Tyr	Pro	Ser	Thr	Asp	Phe	Ala	
		515					520					525				
gag	ctg	aag	cca	cgt	gtg	gtg	tac	gac	cgg	gtt	tca	ggc	gtg	ctg	gag	1632
Glu	Leu	Lys	Pro	Arg	Val	Val	Tyr	Asp	Arg	Val	Ser	Gly	Val	Leu	Glu	
	530					535					540					
ggc	cgg	cca	gga	tcc	caa	cgc	gta	gca	gtg	acc	agt	ggc	gga	aca	att	1680
Gly	Arg	Pro	Gly	Ser	Gln	Arg	Val	Ala	Val	Thr	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile	
	545				550					555					560	
ccc	gat	cga	gga	atg	ttc	gga	gtc	ttc	ctc	gtc	ggc	gat	ggt	ccc	cgg	1728
Pro	Asp	Arg	Gly	Met	Phe	Gly	Val	Phe	Leu	Val	Gly	Asp	Gly	Pro	Arg	
				565					570					575		
cgc	gtc	ggc	gag	ctc	gat	gag	gaa	atg	gtc	tac	gaa	tcc	cgc	gtg	ggc	1776
Arg	Val	Gly	Glu	Leu	Asp	Glu	Glu	Met	Val	Tyr	Glu	Ser	Arg	Val	Gly	
			580				585						590			
gat	gtg	ttt	acg	ctc	ggg	gcg	tcg	agt	tgg	cgg	att	gaa	gag	atc	acc	1824
Asp	Val	Phe	Thr	Leu	Gly	Ala	Ser	Ser	Trp	Arg	Ile	Glu	Glu	Ile	Thr	
		595					600					605				
cgc	gac	cag	gta	ctg	gtc	act	ccc	gcg	cgg	ggt	cac	acg	ggt	cgg	ctg	1872

Arg	Asp	Gln	Val	Leu	Val	Thr	Pro	Ala	Pro	Gly	His	Thr	Gly	Arg	Leu	
610						615					620					
cct	ttt	tg	acg	ggc	gat	gcc	gca	ggc	cgg	ccc	gct	gag	ctg	ggt	aaa	1920
Pro	Phe	Trp	Thr	Gly	Asp	Ala	Ala	Gly	Arg	Pro	Ala	Glu	Leu	Gly	Lys	
625					630					635					640	
gct	tta	ggc	gct	ttt	cga	cgc	tcg	acc	ctc	acc	gat	cca	tcc	agc	tcc	1968
Ala	Leu	Gly	Ala	Phe	Arg	Arg	Ser	Thr	Leu	Thr	Asp	Pro	Ser	Ser	Ser	
				645						650					655	
ggc	ttg	gaa	ggc	tg	gcg	cac	gac	aac	ctg	atc	gcc	ttt	tta	cag	gag	2016
Gly	Leu	Glu	Gly	Trp	Ala	His	Asp	Asn	Leu	Ile	Ala	Phe	Leu	Gln	Glu	
			660					665					670			
cag	gaa	gaa	tcc	acc	ggt	gtg	ttg	cgg	gat	gag	aag	acg	ttg	gtg	ttg	2064
Gln	Glu	Glu	Ser	Thr	Gly	Val	Leu	Pro	Asp	Glu	Lys	Thr	Leu	Val	Leu	
			675				680					685				
gag	cgt	ttc	aaa	gat	gaa	cta	ggc	gac	tg	cgc	att	gtc	ctg	cac	act	2112
Glu	Arg	Phe	Lys	Asp	Glu	Leu	Gly	Asp	Trp	Arg	Ile	Val	Leu	His	Thr	
	690					695					700					
cct	tat	gga	cga	gga	gta	aac	gca	gca	tg	gct	ttg	gcc	gtc	ggg	gcg	2160
Pro	Tyr	Gly	Arg	Gly	Val	Asn	Ala	Ala	Trp	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Ala	
705					710					715					720	
aaa	atc	gct	gaa	gag	acc	ggc	atg	gat	gcg	caa	gcc	gtg	gca	ggt	gat	2208
Lys	Ile	Ala	Glu	Glu	Thr	Gly	Met	Asp	Ala	Gln	Ala	Val	Ala	Gly	Asp	
				725					730					735		
gat	ggc	att	gtg	ctt	cgg	ttg	cgg	gaa	ggg	gat	gaa	gat	ccc	agc	gca	2256
Asp	Gly	Ile	Val	Leu	Arg	Leu	Pro	Glu	Gly	Asp	Glu	Asp	Pro	Ser	Ala	
			740					745					750			
gcg	ttg	ttt	atg	ttt	gag	gcg	gaa	gag	atc	gaa	acg	cta	gtg	aca	gag	2304
Ala	Leu	Phe	Met	Phe	Glu	Ala	Glu	Glu	Ile	Glu	Thr	Leu	Val	Thr	Glu	
		755					760					765				
cag	gtg	ggt	aac	tct	gcg	ctg	ttt	gcc	agc	agg	ttc	cgt	gaa	tgc	gcc	2352
Gln	Val	Gly	Asn	Ser	Ala	Leu	Phe	Ala	Ser	Arg	Phe	Arg	Glu	Cys	Ala	
	770					775					780					
gcg	agg	gcc	cta	ttg	ctg	cgg	aga	cga	aac	ccc	ggc	aag	cgc	gca	cgg	2400
Ala	Arg	Ala	Leu	Leu	Leu	Pro	Arg	Arg	Asn	Pro	Gly	Lys	Arg	Ala	Pro	
785					790					795					800	
ctg	tg	cag	caa	cga	caa	cga	gca	gca	cag	ctt	ctt	gat	gtg	gcc	aga	2448
Leu	Trp	Gln	Gln	Arg	Gln	Arg	Ala	Ala	Gln	Leu	Leu	Asp	Val	Ala	Arg	
				805					810					815		
aag	tac	cgg	agt	ttc	cgg	atc	att	ttg	gaa	aca	gtg	cgc	gaa	tgt	ctt	2496
Lys	Tyr	Pro	Ser	Phe	Pro	Ile	Ile	Leu	Glu	Thr	Val	Arg	Glu	Cys	Leu	
			820					825					830			
caa	gat	gtt	tac	gat	ctg	ccc	gct	ctg	aag	aat	ctc	att	gag	gat	cta	2544
Gln	Asp	Val	Tyr	Asp	Leu	Pro	Ala	Leu	Lys	Asn	Leu	Ile	Glu	Asp	Leu	
		835					840					845				
cag	ctg	cgg	aag	gta	aga	atc	gcg	gaa	gtc	acc	acc	cag	cag	ccc	agt	2592
Gln	Leu	Arg	Lys	Val	Arg	Ile	Ala	Glu	Val	Thr	Thr	Gln	Gln	Pro	Ser	
	850					855					860					
cct	ttt	gcc	tcc	gca	ttg	ctg	ttc	aat	tac	acc	ggt	gca	ttc	atg	tac	2640

Pro Phe Ala Ser Ala Leu Leu Phe Asn Tyr Thr Gly Ala Phe Met Tyr	
865 870 875 880	
gaa ggc gac agc ccg ctc gca gag aaa cgt gcc gca gcg ttg gcc ctg	2688
Glu Gly Asp Ser Pro Leu Ala Glu Lys Arg Ala Ala Ala Leu Ala Leu	
885 890 895	
gat ccg gca ctg ttg gcg aaa ttg ctg ggt gag gtg gag ctt cga caa	2736
Asp Pro Ala Leu Leu Ala Lys Leu Leu Gly Glu Val Glu Leu Arg Gln	
900 905 910	
tta ctg gat ccc gac atc atc gca gaa gtg cac caa caa ttg cgc agg	2784
Leu Leu Asp Pro Asp Ile Ile Ala Glu Val His Gln Gln Leu Arg Arg	
915 920 925	
caa ggc gat cgt gcg gcg aga aac aat gaa gaa ctc gca gat tct ttg	2832
Gln Gly Asp Arg Ala Ala Arg Asn Asn Glu Glu Leu Ala Asp Ser Leu	
930 935 940	
agg att tta gga ccg att cct ttg gat gaa ttg ggc gaa cac atc acc	2880
Arg Ile Leu Gly Pro Ile Pro Leu Asp Glu Leu Gly Glu His Ile Thr	
945 950 955 960	
ttt gaa aac cca gac ctg gag gat cga gca atg act gtt cgg atc aac	2928
Phe Glu Asn Pro Asp Leu Glu Asp Arg Ala Met Thr Val Arg Ile Asn	
965 970 975	
ggt cgg gaa cat tta gcg cag gtc ttg gat gca cct ttg ctt cga gat	2976
Gly Arg Glu His Leu Ala Gln Val Leu Asp Ala Pro Leu Leu Arg Asp	
980 985 990	
gcc tta ggt gtt ccc gta ccg cct ggt gtg cct gcg cag gta gaa acc	3024
Ala Leu Gly Val Pro Val Pro Pro Gly Val Pro Ala Gln Val Glu Thr	
995 1000 1005	
att acg gat gcg ttg gaa cag tta gtc aac agg tgg gtt cgt acc aga	3072
Ile Thr Asp Ala Leu Glu Gln Leu Val Asn Arg Trp Val Arg Thr Arg	
1010 1015 1020	
ggg cca ttt act gcg aat gat ttg gca gaa gcc ttt gga ctg ggc atc	3120
Gly Pro Phe Thr Ala Asn Asp Leu Ala Glu Ala Phe Gly Leu Gly Ile	
1025 1030 1035 1040	
gcc acg gcg atc acc gcc ctt caa agc gca cct gtg att gaa ggc cgc	3168
Ala Thr Ala Ile Thr Ala Leu Gln Ser Ala Pro Val Ile Glu Gly Arg	
1045 1050 1055	
tac cga caa ggc gtg gac gtg cag gaa tac tgt gcg aca gaa gtg ttg	3216
Tyr Arg Gln Gly Val Asp Val Gln Glu Tyr Cys Ala Thr Glu Val Leu	
1060 1065 1070	
tcg atc ata agg cga cgc agc ctc gca gca gcg agg aaa caa acc agg	3264
Ser Ile Ile Arg Arg Arg Ser Leu Ala Ala Ala Arg Lys Gln Thr Arg	
1075 1080 1085	
ccg gta tcg caa tca gcc ttt gcg cga ttc ctg ctt gat tgg caa cag	3312
Pro Val Ser Gln Ser Ala Phe Ala Arg Phe Leu Leu Asp Trp Gln Gln	
1090 1095 1100	
atc gca ccg gtg ggc gcc aca cct gaa ctc cga ggc gtt gat ggc acc	3360
Ile Ala Pro Val Gly Ala Thr Pro Glu Leu Arg Gly Val Asp Gly Thr	
1105 1110 1115 1120	
tac aca gtc att gaa caa ctc gcc ggt gta cgt ctt ccc gcc agt gcg	3408

Tyr Thr Val Ile Glu Gln Leu Ala Gly Val Arg Leu Pro Ala Ser Ala	
1125	1130 1135
tgg gaa gat ctc gtg ttg ccg cgc cgg gtt gcc gac tat tca ccg atc	3456
Trp Glu Asp Leu Val Leu Pro Arg Arg Val Ala Asp Tyr Ser Pro Ile	
1140	1145 1150
cat ctc gat gag ctg acc tcc aat ggg gaa gtc ctc atc gtg gga gcg	3504
His Leu Asp Glu Leu Thr Ser Asn Gly Glu Val Leu Ile Val Gly Ala	
1155	1160 1165
ggc caa gcc gga agc cgc gat ccg tgg att agc ttg ctg ccc gtg gat	3552
Gly Gln Ala Gly Ser Arg Asp Pro Trp Ile Ser Leu Leu Pro Val Asp	
1170	1175 1180
tat gcg gcg cag ttg gtg ggg gag gcg tcg aca agc atg agc cca ttg	3600
Tyr Ala Ala Gln Leu Val Gly Glu Ala Ser Thr Ser Met Ser Pro Leu	
1185	1190 1195 1200
cag gac gcc gtg ctt gac cag ctg cgt gcg gga ggc gcc ttc ctg ttt	3648
Gln Asp Ala Val Leu Asp Gln Leu Arg Ala Gly Gly Ala Phe Leu Phe	
1205	1210 1215
tct gac att ctc gaa gag aat ttc ggc tac acc aca gcc cag ctg caa	3696
Ser Asp Ile Leu Glu Glu Asn Phe Gly Tyr Thr Thr Ala Gln Leu Gln	
1220	1225 1230
gaa gcg atg tgg ggg ctg gtg gaa gca ggc ctg gtc agc cct gat agc	3744
Glu Ala Met Trp Gly Leu Val Glu Ala Gly Leu Val Ser Pro Asp Ser	
1235	1240 1245
ttc gcg ccg atc cgc gcg cgc cta gcg tcg gga acc acg gcg cat cgg	3792
Phe Ala Pro Ile Arg Ala Arg Leu Ala Ser Gly Thr Thr Ala His Arg	
1250	1255 1260
gcg aaa cgt cga cca gcg aga tcc ccg ctg cgc acc cgc acc agc ttc	3840
Ala Lys Arg Arg Pro Ala Arg Ser Arg Leu Arg Thr Arg Thr Ser Phe	
1265	1270 1275 1280
gcg agc gac gtg ccc cca gac atg cgc gga cga tgg acg ctg tcc gtg	3888
Ala Ser Asp Val Pro Pro Asp Met Arg Gly Arg Trp Thr Leu Ser Val	
1285	1290 1295
caa ccc gcc gac gcc acc agc cgc tcc gtc gca cac ggc gaa ggc tgg	3936
Gln Pro Ala Asp Ala Thr Ser Arg Ser Val Ala His Gly Glu Gly Trp	
1300	1305 1310
ctc gac cgc tac ggc gtg ctc acc cgc ggg agc gtc gtc gcc gaa gac	3984
Leu Asp Arg Tyr Gly Val Leu Thr Arg Gly Ser Val Val Ala Glu Asp	
1315	1320 1325
atc gtc gga ggc ttc gcc ctg gcc tac aaa gtg ctc tcc ggc ttc gaa	4032
Ile Val Gly Gly Phe Ala Leu Ala Tyr Lys Val Leu Ser Gly Phe Glu	
1330	1335 1340
gaa agc ggc aaa gcg atg cgc ggc tac ttc atc gaa ggg ctc ggc gcc	4080
Glu Ser Gly Lys Ala Met Arg Gly Tyr Phe Ile Glu Gly Leu Gly Ala	
1345	1350 1355 1360
gcg caa ttc tcc acg ccc gcc atc atc gac cgc ctc cgc ggc cac gac	4128
Ala Gln Phe Ser Thr Pro Ala Ile Ile Asp Arg Leu Arg Gly His Asp	
1365	1370 1375
gat tcc ccc gac gtc gaa ggc tgg ccc tcc ggc gcc acc gac cca gac	4176

Asp Ser Pro Asp Val Glu Gly Trp Pro Ser Gly Ala Thr Asp Pro Asp
 1380 1385 1390
 gtc tac ctc ata gcc gcc gcc gac ccc gca aac ccc tac ggc gcc gca 4224
 Val Tyr Leu Ile Ala Ala Ala Asp Pro Ala Asn Pro Tyr Gly Ala Ala
 1395 1400 1405
 ctt ccc tgg cct gag cag ggg ccc agc cgc gcc gcc gga gct atg gtc 4272
 Leu Pro Trp Pro Glu Gln Gly Pro Ser Arg Ala Ala Gly Ala Met Val
 1410 1415 1420
 gtg ctt tgc gac gga ctc ctc ctc gcc cac ctc acc cgc ggc ggg cgc 4320
 Val Leu Cys Asp Gly Leu Leu Leu Ala His Leu Thr Arg Gly Gly Arg
 1425 1430 1435 1440
 acc ctc acc gtg ttc tcc gac aat atc ccc aaa atc gcg aca gcc cta 4368
 Thr Leu Thr Val Phe Ser Asp Asn Ile Pro Lys Ile Ala Thr Ala Leu
 1445 1450 1455
 atc aca tac gaa agg ctc acg gta gaa aaa atc aac ggc gac aac gtc 4416
 Ile Thr Tyr Glu Arg Leu Thr Val Glu Lys Ile Asn Gly Asp Asn Val
 1460 1465 1470
 ttc gac tcc cca ctc ctg gaa caa ttc cgc aaa cac ggc gcc acc atc 4464
 Phe Asp Ser Pro Leu Leu Glu Gln Phe Arg Lys His Gly Ala Thr Ile
 1475 1480 1485
 acc ccg aag gga atg cga ttt cga cca cca gtg gca cgg gaa acc ccc 4512
 Thr Pro Lys Gly Met Arg Phe Arg Pro Pro Val Ala Arg Glu Thr Pro
 1490 1495 1500
 tca gat acg ctt ccc acc agg act ttt cgt gga ggc ttc gga cgg cgc 4560
 Ser Asp Thr Leu Pro Thr Arg Thr Phe Arg Gly Gly Phe Gly Arg Arg
 1505 1510 1515 1520

<210> 102

<211> 1520

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 102

Met Ala Lys Ser Ile Leu Ser Arg Phe Arg Pro Gln Val Ala Glu Trp
 1 5 10 15
 Phe Arg Asp Val Phe Ala Ser Pro Thr Pro Val Gln Glu Gly Thr Trp
 20 25 30
 Glu Ala Val Ser Lys Gly Lys Asn Ala Leu Val Val Ala Pro Thr Gly
 35 40 45
 Ser Gly Lys Thr Leu Ala Ala Phe Leu Trp Ala Leu Asp Ser Leu Thr
 50 55 60
 Glu Gln Thr Gly Gln Gln Val Leu Asp Thr Gly Thr Pro Val Pro Val
 65 70 75 80
 Arg Gly Gly Lys Val Lys Val Leu Tyr Ile Ser Pro Leu Lys Ala Leu
 85 90 95
 Gly Val Asp Val Glu Asn Asn Leu Arg Ala Pro Leu Thr Gly Ile Ala
 100 105 110

Arg Thr Ala Ser Arg Met Gly Leu Asp Val Pro Asn Ile Thr Val Ala
 115 120 125
 Val Arg Ser Gly Asp Thr Pro Ser Ala Glu Arg Ala Arg Gln Val Arg
 130 135 140
 Lys Pro Pro Asp Ile Leu Ile Thr Thr Pro Glu Ser Ala Tyr Leu Met
 145 150 155 160
 Leu Thr Ser Lys Ala Gly Ala Thr Leu Ser Asp Val Asp Val Val Ile
 165 170 175
 Ile Asp Glu Ile His Ala Met Ala Gly Thr Lys Arg Gly Val His Leu
 180 185 190
 Ala Leu Thr Leu Glu Arg Leu Glu Lys Leu Val Gly Arg Pro Val Gln
 195 200 205
 Arg Val Gly Leu Ser Ala Thr Val Arg Pro Leu Glu Thr Val Ala Gly
 210 215 220
 Phe Leu Gly Gly Gly Arg Pro Val Glu Ile Val Ala Pro Pro Ala Glu
 225 230 235 240
 Lys Lys Trp Asp Leu Thr Val Thr Val Pro Val Glu Asp Met Ser Asp
 245 250 255
 Leu Pro Val Gln Glu Pro Gly Ser Thr Ile Gly Glu Leu Val Met Asp
 260 265 270
 Asp Pro Leu Gly Ile Thr Gly Glu Ser Ala Leu Pro Thr Gln Gly Ser
 275 280 285
 Ile Trp Pro His Ile Glu Gln Gln Val Tyr Asn Gln Val Met Ser Ala
 290 295 300
 Lys Ser Thr Ile Val Phe Val Asn Ser Arg Arg Ser Ala Glu Arg Leu
 305 310 315 320
 Thr Ser Arg Leu Asn Glu Ile Trp Ala Met Glu His Asp Pro Glu Ser
 325 330 335
 Leu Ser Pro Gln Leu Arg Arg Asp Pro Ala Gln Ile Met Ser Ser Ala
 340 345 350
 Asp Val Ala Gly Lys Ala Pro Gln Val Ile Ala Arg Ala His His Gly
 355 360 365
 Ser Val Ser Lys Asp Glu Arg Ala Thr Thr Glu Thr Met Leu Lys Glu
 370 375 380
 Gly Arg Leu Arg Ala Val Ile Ser Thr Ser Ser Leu Glu Leu Gly Ile
 385 390 395 400
 Asp Met Gly Ala Val Asp Leu Val Ile Gln Val Glu Ser Pro Pro Ser
 405 410 415
 Val Ala Ser Gly Leu Gln Arg Val Gly Arg Ala Gly His Thr Val Gly
 420 425 430
 Ala Thr Ser Ile Gly Ser Phe Tyr Pro Lys His Arg Ser Asp Leu Val
 435 440 445
 Gln Thr Ala Val Thr Val Gln Arg Met Lys Glu Gly Leu Ile Glu Glu

450	455	460
Ile His Val Pro Lys Asn Ala Leu Asp Val Leu Ala Gln Gln Thr Val		
465	470	475 480
Ala Ala Val Ser Ile Lys Asp Val Gln Val Asp Glu Trp Tyr Glu Thr		
	485	490 495
Ile Arg Lys Ala Tyr Pro Tyr Arg Asp Leu Ala Arg Glu Val Phe Asp		
	500	505 510
Ser Val Ile Asp Leu Val Ser Gly Val Tyr Pro Ser Thr Asp Phe Ala		
	515	520 525
Glu Leu Lys Pro Arg Val Val Tyr Asp Arg Val Ser Gly Val Leu Glu		
	530	535 540
Gly Arg Pro Gly Ser Gln Arg Val Ala Val Thr Ser Gly Gly Thr Ile		
	545	550 555 560
Pro Asp Arg Gly Met Phe Gly Val Phe Leu Val Gly Asp Gly Pro Arg		
	565	570 575
Arg Val Gly Glu Leu Asp Glu Glu Met Val Tyr Glu Ser Arg Val Gly		
	580	585 590
Asp Val Phe Thr Leu Gly Ala Ser Ser Trp Arg Ile Glu Glu Ile Thr		
	595	600 605
Arg Asp Gln Val Leu Val Thr Pro Ala Pro Gly His Thr Gly Arg Leu		
	610	615 620
Pro Phe Trp Thr Gly Asp Ala Ala Gly Arg Pro Ala Glu Leu Gly Lys		
	625	630 635 640
Ala Leu Gly Ala Phe Arg Arg Ser Thr Leu Thr Asp Pro Ser Ser Ser		
	645	650 655
Gly Leu Glu Gly Trp Ala His Asp Asn Leu Ile Ala Phe Leu Gln Glu		
	660	665 670
Gln Glu Glu Ser Thr Gly Val Leu Pro Asp Glu Lys Thr Leu Val Leu		
	675	680 685
Glu Arg Phe Lys Asp Glu Leu Gly Asp Trp Arg Ile Val Leu His Thr		
	690	695 700
Pro Tyr Gly Arg Gly Val Asn Ala Ala Trp Ala Leu Ala Val Gly Ala		
	705	710 715 720
Lys Ile Ala Glu Glu Thr Gly Met Asp Ala Gln Ala Val Ala Gly Asp		
	725	730 735
Asp Gly Ile Val Leu Arg Leu Pro Glu Gly Asp Glu Asp Pro Ser Ala		
	740	745 750
Ala Leu Phe Met Phe Glu Ala Glu Glu Ile Glu Thr Leu Val Thr Glu		
	755	760 765
Gln Val Gly Asn Ser Ala Leu Phe Ala Ser Arg Phe Arg Glu Cys Ala		
	770	775 780
Ala Arg Ala Leu Leu Leu Pro Arg Arg Asn Pro Gly Lys Arg Ala Pro		
	785	790 795 800

Leu Trp Gln Gln Arg Gln Arg Ala Ala Gln Leu Leu Asp Val Ala Arg
 805 810 815
 Lys Tyr Pro Ser Phe Pro Ile Ile Leu Glu Thr Val Arg Glu Cys Leu
 820 825 830
 Gln Asp Val Tyr Asp Leu Pro Ala Leu Lys Asn Leu Ile Glu Asp Leu
 835 840 845
 Gln Leu Arg Lys Val Arg Ile Ala Glu Val Thr Thr Gln Gln Pro Ser
 850 855 860
 Pro Phe Ala Ser Ala Leu Leu Phe Asn Tyr Thr Gly Ala Phe Met Tyr
 865 870 875 880
 Glu Gly Asp Ser Pro Leu Ala Glu Lys Arg Ala Ala Ala Leu Ala Leu
 885 890 895
 Asp Pro Ala Leu Leu Ala Lys Leu Leu Gly Glu Val Glu Leu Arg Gln
 900 905 910
 Leu Leu Asp Pro Asp Ile Ile Ala Glu Val His Gln Gln Leu Arg Arg
 915 920 925
 Gln Gly Asp Arg Ala Ala Arg Asn Asn Glu Glu Leu Ala Asp Ser Leu
 930 935 940
 Arg Ile Leu Gly Pro Ile Pro Leu Asp Glu Leu Gly Glu His Ile Thr
 945 950 955 960
 Phe Glu Asn Pro Asp Leu Glu Asp Arg Ala Met Thr Val Arg Ile Asn
 965 970 975
 Gly Arg Glu His Leu Ala Gln Val Leu Asp Ala Pro Leu Leu Arg Asp
 980 985 990
 Ala Leu Gly Val Pro Val Pro Pro Gly Val Pro Ala Gln Val Glu Thr
 995 1000 1005
 Ile Thr Asp Ala Leu Glu Gln Leu Val Asn Arg Trp Val Arg Thr Arg
 1010 1015 1020
 Gly Pro Phe Thr Ala Asn Asp Leu Ala Glu Ala Phe Gly Leu Gly Ile
 1025 1030 1035 1040
 Ala Thr Ala Ile Thr Ala Leu Gln Ser Ala Pro Val Ile Glu Gly Arg
 1045 1050 1055
 Tyr Arg Gln Gly Val Asp Val Gln Glu Tyr Cys Ala Thr Glu Val Leu
 1060 1065 1070
 Ser Ile Ile Arg Arg Arg Ser Leu Ala Ala Ala Arg Lys Gln Thr Arg
 1075 1080 1085
 Pro Val Ser Gln Ser Ala Phe Ala Arg Phe Leu Leu Asp Trp Gln Gln
 1090 1095 1100
 Ile Ala Pro Val Gly Ala Thr Pro Glu Leu Arg Gly Val Asp Gly Thr
 1105 1110 1115 1120
 Tyr Thr Val Ile Glu Gln Leu Ala Gly Val Arg Leu Pro Ala Ser Ala
 1125 1130 1135
 Trp Glu Asp Leu Val Leu Pro Arg Arg Val Ala Asp Tyr Ser Pro Ile

1140	1145	1150
His Leu Asp Glu Leu Thr Ser Asn Gly Glu Val Leu Ile Val Gly Ala 1155	1160	1165
Gly Gln Ala Gly Ser Arg Asp Pro Trp Ile Ser Leu Leu Pro Val Asp 1170	1175	1180
Tyr Ala Ala Gln Leu Val Gly Glu Ala Ser Thr Ser Met Ser Pro Leu 1185	1190	1195 1200
Gln Asp Ala Val Leu Asp Gln Leu Arg Ala Gly Gly Ala Phe Leu Phe 1205	1210	1215
Ser Asp Ile Leu Glu Glu Asn Phe Gly Tyr Thr Thr Ala Gln Leu Gln 1220	1225	1230
Glu Ala Met Trp Gly Leu Val Glu Ala Gly Leu Val Ser Pro Asp Ser 1235	1240	1245
Phe Ala Pro Ile Arg Ala Arg Leu Ala Ser Gly Thr Thr Ala His Arg 1250	1255	1260
Ala Lys Arg Arg Pro Ala Arg Ser Arg Leu Arg Thr Arg Thr Ser Phe 1265	1270	1275 1280
Ala Ser Asp Val Pro Pro Asp Met Arg Gly Arg Trp Thr Leu Ser Val 1285	1290	1295
Gln Pro Ala Asp Ala Thr Ser Arg Ser Val Ala His Gly Glu Gly Trp 1300	1305	1310
Leu Asp Arg Tyr Gly Val Leu Thr Arg Gly Ser Val Val Ala Glu Asp 1315	1320	1325
Ile Val Gly Gly Phe Ala Leu Ala Tyr Lys Val Leu Ser Gly Phe Glu 1330	1335	1340
Glu Ser Gly Lys Ala Met Arg Gly Tyr Phe Ile Glu Gly Leu Gly Ala 1345	1350	1355 1360
Ala Gln Phe Ser Thr Pro Ala Ile Ile Asp Arg Leu Arg Gly His Asp 1365	1370	1375
Asp Ser Pro Asp Val Glu Gly Trp Pro Ser Gly Ala Thr Asp Pro Asp 1380	1385	1390
Val Tyr Leu Ile Ala Ala Ala Asp Pro Ala Asn Pro Tyr Gly Ala Ala 1395	1400	1405
Leu Pro Trp Pro Glu Gln Gly Pro Ser Arg Ala Ala Gly Ala Met Val 1410	1415	1420
Val Leu Cys Asp Gly Leu Leu Ala His Leu Thr Arg Gly Gly Arg 1425	1430	1435 1440
Thr Leu Thr Val Phe Ser Asp Asn Ile Pro Lys Ile Ala Thr Ala Leu 1445	1450	1455
Ile Thr Tyr Glu Arg Leu Thr Val Glu Lys Ile Asn Gly Asp Asn Val 1460	1465	1470
Phe Asp Ser Pro Leu Leu Glu Gln Phe Arg Lys His Gly Ala Thr Ile 1475	1480	1485

Thr Pro Lys Gly Met Arg Phe Arg Pro Pro Val Ala Arg Glu Thr Pro
 1490 1495 1500

Ser Asp Thr Leu Pro Thr Arg Thr Phe Arg Gly Gly Phe Gly Arg Arg
 1505 1510 1515 1520

<210> 103

<211> 1251

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1251)

<223> RXA07006

<400> 103

gtg	tcg	tct	gag	aaa	gct	tca	tca	aaa	tca	acc	cct	gag	gca	ccg	tgg	48
Val	Ser	Ser	Glu	Lys	Ala	Ser	Ser	Lys	Ser	Thr	Pro	Glu	Ala	Pro	Trp	
1				5					10					15		
cca	gtc	cg	gaa	gta	aat	act	caa	gtc	aag	cag	tgg	att	gaa	cg	ctt	96
Pro	Val	Arg	Glu	Val	Asn	Thr	Gln	Val	Lys	Gln	Trp	Ile	Glu	Arg	Leu	
			20					25					30			
ggc	cat	ttg	tgg	gtg	gag	ggc	cag	ctc	gct	cag	att	aat	gtg	aag	ccc	144
Gly	His	Leu	Trp	Val	Glu	Gly	Gln	Leu	Ala	Gln	Ile	Asn	Val	Lys	Pro	
		35					40					45				
aat	tgg	aag	ctg	tcg	tat	ttg	acg	ctt	cgt	gat	gtg	gag	caa	gaa	atg	192
Asn	Trp	Lys	Leu	Ser	Tyr	Leu	Thr	Leu	Arg	Asp	Val	Glu	Gln	Glu	Met	
	50					55					60					
tct	gtg	cag	ctg	acc	tgc	ccg	acg	gac	att	atc	cgc	aat	cgc	ccc	aca	240
Ser	Val	Gln	Leu	Thr	Cys	Pro	Thr	Asp	Ile	Ile	Arg	Asn	Arg	Pro	Thr	
65					70					75					80	
ccg	ctc	aag	gat	ggc	gac	cgc	gtg	att	gtg	tac	ggc	aag	ccc	gcg	ttt	288
Pro	Leu	Lys	Asp	Gly	Asp	Arg	Val	Ile	Val	Tyr	Gly	Lys	Pro	Ala	Phe	
				85					90					95		
tat	gca	ggc	cgc	ggc	act	ttt	tcg	ctg	tgg	gtg	act	gat	atc	cgt	ccc	336
Tyr	Ala	Gly	Arg	Gly	Thr	Phe	Ser	Leu	Trp	Val	Thr	Asp	Ile	Arg	Pro	
			100					105					110			
gtg	ggt	att	ggt	gag	ttg	ctg	gcg	cgc	att	gag	gag	ctg	cgt	aaa	agg	384
Val	Gly	Ile	Gly	Glu	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	Glu	Glu	Leu	Arg	Lys	Arg	
		115					120					125				
ctt	gcc	gcg	gag	ggt	ctt	ttt	gat	cca	gct	cgg	aag	aag	cga	ctg	cca	432
Leu	Ala	Ala	Glu	Gly	Leu	Phe	Asp	Pro	Ala	Arg	Lys	Lys	Arg	Leu	Pro	
	130					135					140					
ttt	ctg	ccc	aac	cgc	gtt	ggt	ttg	atc	acg	gga	cgt	ggt	tca	gcg	gct	480
Phe	Leu	Pro	Asn	Arg	Val	Gly	Leu	Ile	Thr	Gly	Arg	Gly	Ser	Ala	Ala	
145					150					155					160	
gag	cgc	gat	gtg	ctg	agc	gtg	gct	aag	gat	cgc	tgg	ccg	gaa	gtg	cag	528
Glu	Arg	Asp	Val	Leu	Ser	Val	Ala	Lys	Asp	Arg	Trp	Pro	Glu	Val	Gln	

165	170	175	
ttt gag gtg atc aac acg gca gtt	cag ggc gct tca gct gtt cct gaa	576	
Phe Glu Val Ile Asn Thr Ala Val	Gln Gly Ala Ser Ala Val Pro Glu		
180	185	190	
atc atc gaa gcg ttg cgg gtt tta gat	cag gac cct cgc gtg gat gtc	624	
Ile Ile Glu Ala Leu Arg Val Leu	Asp Gln Asp Pro Arg Val Asp Val		
195	200	205	
atc atc att gcc cgc ggc ggc ggt tct	gtg gag gat ctg ctc ccc ttc	672	
Ile Ile Ile Ala Arg Gly Gly Gly	Ser Val Glu Asp Leu Leu Pro Phe		
210	215	220	
tct gag gag gcc ttg cag cgc gca gtc	gcg gca gcg cag acg ccc gtg	720	
Ser Glu Glu Ala Leu Gln Arg Ala Val	Ala Ala Ala Gln Thr Pro Val		
225	230	235	240
gtg tcc gcg att ggc cac gaa cca gat	acg ccg gtg ttg gac aat gtc	768	
Val Ser Ala Ile Gly His Glu Pro	Asp Thr Pro Val Leu Asp Asn Val		
245	250	255	
gcc gac ctt cgc gcg gcg acc ccg acc	gat gca gca aag cgc gtg gtg	816	
Ala Asp Leu Arg Ala Ala Thr Pro	Thr Asp Ala Ala Lys Arg Val Val		
260	265	270	
cct gat gtg gca gaa gaa cgc atg ttg	atc aat cag ctt cgc agt cgt	864	
Pro Asp Val Ala Glu Glu Arg Met	Leu Ile Asn Gln Leu Arg Ser Arg		
275	280	285	
agt gcc gcg gcg ttg cgc ggt tgg gtg	cag cgc gag cag cag gcg ttg	912	
Ser Ala Ala Ala Leu Arg Gly Trp	Val Gln Arg Glu Gln Gln Ala Leu		
290	295	300	
gca gcg att cgc acc agg ccg gtg ctg	gct gat ccg atg acc ccg att	960	
Ala Ala Ile Arg Thr Arg Pro Val	Leu Ala Asp Pro Met Thr Pro Ile		
305	310	315	320
aac cgc cga cgt gat gag att gcc	cag gct gtg ggc ttg att agg cgc	1008	
Asn Arg Arg Arg Asp Glu Ile Ala	Gln Ala Val Gly Leu Ile Arg Arg		
325	330	335	
gat gtc acc cat ctc gtc cgc acc	gag caa gca ctg gtg gcg tcg ttg	1056	
Asp Val Thr His Leu Val Arg Thr	Glu Gln Ala Leu Val Ala Ser Leu		
340	345	350	
cgc gca cag gtt tcc gcg ctc ggc ccg	tcc gca acc ttg gcg cgc ggt	1104	
Arg Ala Gln Val Ser Ala Leu Gly	Pro Ser Ala Thr Leu Ala Arg Gly		
355	360	365	
tat tcc gtg gtg cag gtt att cct	cgc gac ggc agc gcc ccg gaa gtg	1152	
Tyr Ser Val Val Gln Val Ile Pro	Arg Asp Gly Ser Ala Pro Glu Val		
370	375	380	
gtc acc acc atc gag caa tca ccg ccc	ggc agc cag ctg cgc atc cgc	1200	
Val Thr Thr Ile Glu Gln Ser Pro	Pro Gly Ser Gln Leu Arg Ile Arg		
385	390	395	400
gtt gcc gac ggc tcc atc act gcg	gca tcc atg ggc acc cag caa gca	1248	
Val Ala Asp Gly Ser Ile Thr Ala	Ala Ser Met Gly Thr Gln Gln Ala		
405	410	415	
aac			1251

Asn

 $\langle 210 \rangle$ 104

<211> 417

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

 $\langle 400 \rangle$ 104

Val Ser Ser Glu Lys Ala Ser Ser Lys Ser Thr Pro Glu Ala Pro Trp
1 5 10 15

Pro Val Arg Glu Val Asn Thr Gln Val Lys Gln Trp Ile Glu Arg Leu
20 25 30

Gly His Leu Trp Val Glu Gly Gln Leu Ala Gln Ile Asn Val Lys Pro
35 40 45

Asn Trp Lys Leu Ser Tyr Leu Thr Leu Arg Asp Val Glu Gln Glu Met
50 55 60

Ser Val Gln Leu Thr Cys Pro Thr Asp Ile Ile Arg Asn Arg Pro Thr
65 70 75 80

Pro Leu Lys Asp Gly Asp Arg Val Ile Val Tyr Gly Lys Pro Ala Phe
85 90 95

Tyr Ala Gly Arg Gly Thr Phe Ser Leu Trp Val Thr Asp Ile Arg Pro
100 105 110

Val Gly Ile Gly Glu Leu Leu Ala Arg Ile Glu Glu Leu Arg Lys Arg
115 120 125

Leu Ala Ala Glu Gly Leu Phe Asp Pro Ala Arg Lys Lys Arg Leu Pro
130 135 140

Phe Leu Pro Asn Arg Val Gly Leu Ile Thr Gly Arg Gly Ser Ala Ala
145 150 155 160

Glu Arg Asp Val Leu Ser Val Ala Lys Asp Arg Trp Pro Glu Val Gln
165 170 175

Phe Glu Val Ile Asn Thr Ala Val Gln Gly Ala Ser Ala Val Pro Glu
180 185 190

Ile Ile Glu Ala Leu Arg Val Leu Asp Gln Asp Pro Arg Val Asp Val
195 200 205

Ile Ile Ile Ala Arg Gly Gly Gly Ser Val Glu Asp Leu Leu Pro Phe
210 215 220

Ser Glu Glu Ala Leu Gln Arg Ala Val Ala Ala Ala Gln Thr Pro Val
225 230 235 240

Val Ser Ala Ile Gly His Glu Pro Asp Thr Pro Val Leu Asp Asn Val
245 250 255

Ala Asp Leu Arg Ala Ala Thr Pro Thr Asp Ala Ala Lys Arg Val Val
260 265 270

Pro Asp Val Ala Glu Glu Arg Met Leu Ile Asn Gln Leu Arg Ser Arg
275 280 285

Ser Ala Ala Ala Leu Arg Gly Trp Val Gln Arg Glu Gln Gln Ala Leu
290 295 300

Ala Ala Ile Arg Thr Arg Pro Val Leu Ala Asp Pro Met Thr Pro Ile
305 310 315 320

Asn Arg Arg Arg Asp Glu Ile Ala Gln Ala Val Gly Leu Ile Arg Arg
325 330 335

Asp Val Thr His Leu Val Arg Thr Glu Gln Ala Leu Val Ala Ser Leu
340 345 350

Arg Ala Gln Val Ser Ala Leu Gly Pro Ser Ala Thr Leu Ala Arg Gly
355 360 365

Tyr Ser Val Val Gln Val Ile Pro Arg Asp Gly Ser Ala Pro Glu Val
370 375 380

Val Thr Thr Ile Glu Gln Ser Pro Pro Gly Ser Gln Leu Arg Ile Arg
385 390 395 400

Val Ala Asp Gly Ser Ile Thr Ala Ala Ser Met Gly Thr Gln Gln Ala
405 410 415

Asn

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
15. Mai 2003 (15.05.2003)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2003/040180 A3

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: **C07K 14/34**,
C12P 13/08, C12Q 1/68, C12N 15/63, 15/77, 1/21, C12P
1/04 // C12R 1/15

(74) Gemeinsamer Vertreter: **BASF AKTIENGE-
SELLSCHAFT**; 67056 Ludwigshafen (DE).

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2002/012138

(22) Internationales Anmeldedatum:
31. Oktober 2002 (31.10.2002)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
101 54 180.5 5. November 2001 (05.11.2001) DE

(81) Bestimmungsstaaten (*national*): AE, AG, AL, AM, AT,
AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR,
CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE,
GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR,
KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK,
MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU,
SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG,
US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (*regional*): ARIPO-Patent (GH,
GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW),
eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,
TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,
DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT,
SE, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(71) Anmelder (*für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme
von US*): **BASF AKTIENGESSELLSCHAFT** [DE/DE];
67056 Ludwigshafen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (*nur für US*): **ZELDER, Oskar**
[DE/DE]; Franz-Stützel-Str. 8, 67346 Speyer (DE).
POMPEJUS, Markus [DE/DE]; Wenjenstr. 21, 67251
Freinsheim (DE). **SCHRÖDER, Hartwig** [DE/DE]; Ben-
zstr. 4, 69226 Nussloch (DE). **KRÖGER, BURKHARD**
[DE/DE]; Im Waldhof 1, 67117 Limburgerhof (DE).
KLOPPROGGE, Corinna [DE/DE]; Rastatter Strasse
10, 68239 Mannheim (DE). **HABERHAUER, Gregor**
[DE/DE]; Moselstrasse 42, 67117 Limburgerhof (DE).

Veröffentlicht:

— mit internationalem Recherchenbericht

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen
Recherchenberichts: 1. April 2004

*Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Ab-
kürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Co-
des and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der
PCT-Gazette verwiesen.*

(54) Title: GENES OF CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM ENCODING FOR GENETIC STABILITY, GENE EXPRES-
SION AND FOLDING PROTEINS

(54) Bezeichnung: GENE VON CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM, DIE FÜR GENETISCHE STABILITÄTS-, GENEX-
PRESSIONS- UND FALTUNGSPROTEINE KODIEREN

(57) Abstract: The invention relates to nucleic acid molecules of *Corynebacterium glutamicum*, to the use thereof in the construction of genetically improved microorganisms and to a method for producing fine chemical products, in particular amino acids, by means of said genetically improved microorganisms.

(57) Zusammenfassung: Die Erfindung betrifft neue Nukleinsäuremoleküle von *Corynebacterium glutamicum*, deren Verwendung zur Konstruktion von gentechnisch verbesserten Mikroorganismen und Verfahren zur Herstellung von Feinchemikalien, insbesondere Aminosäuren mit Hilfe dieser gentechnisch verbesserten Mikroorganismen.

WO 2003/040180 A3

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 02/12138

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C07K14/34 C12P13/08 C12Q1/68 C12N15/63 C12N15/77
C12N1/21 C12P1/04
//C12R1/15

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C07K C12N C12P C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, EMBL, BIOSIS, EMBASE, MEDLINE

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EP 1 108 790 A (KYOWA HAKKO KOGYO KK) 20 June 2001 (2001-06-20) Seq. ID No. 5415 und 1915; Nur die wichtigsten Abschnitte der Anmeldung wurden als Kopie beigelegt. page 136; claims 9,12,13,15,51-54,63,64; figure 4	1-8
P,X	----- DATABASE EMBL [Online] Genomische Sequenz v. <i>Corynebacterium glutamicum</i> 5 June 2002 (2002-06-05), XP002238867 accession no. EMBL Database accession no. AP005279 Nur der Anfang des Datenbankeintrags wurde als Kopie beigelegt. ----- -/--	1-8

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

29 April 2003

Date of mailing of the international search report

22.06.2003

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.E. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Griesinger, I

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/EP 02/12138

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	BATHE B ET AL: "A PHYSICAL AND GENETIC MAP OF THE CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM ATCC 13032 CHROMOSOME" MOLECULAR AND GENERAL GENETICS, SPRINGER VERLAG, BERLIN,, DE, vol. 252, no. 3, 1996, pages 255-265, XP000942283 ISSN: 0026-8925 abstract; figure 4; table 3 -----	1-8
A	DE 199 29 365 A (BASF LYNX BIOSCIENCE AG) 28 December 2000 (2000-12-28) abstract; claims 1-4 -----	1-8

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/EP 02/12138

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This International Search Report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the International Application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful International Search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see additional sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this International Search Report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this International Search Report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

1-8 (jeweils zum Teil)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
- ☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

The International Searching Authority has determined that this international application contains multiple (groups of) inventions, namely

Inventions 1-4: Claims 1-8 (in part)

amino acid sequence of Seq. Id. No. 2 or the corresponding nucleotide sequence of Seq. Id. No. 1 as well as variants of these sequences and the uses of these sequences in vectors and host cells and for producing organic compounds.

1.1 Claims 1-8 (in part)

amino acid sequence of Seq. Id. No. 2 and the corresponding nucleotide sequence as well as uses of these sequences in vectors and host cells and for producing organic compounds.

1.2 Claims 1-8 (in part)

amino acid sequence of Seq. Id. No. 2 wherein proline is replaced by serine at position 337 and the corresponding nucleotide sequence as well as uses of these sequences in vectors and host cells and for producing organic compounds.

1.3 Claims 1-8 (in part)

amino acid sequence of Seq. Id. No. 2 wherein threonine is replaced by isoleucine at position 405 and the corresponding nucleotide sequence as well as uses of these sequences in vectors and host cells and for producing organic compounds.

1.4 Claims 1-8 (in part)

amino acid sequence of Seq. Id. No. 2 wherein proline is replaced by serine at position 504 and the corresponding

nucleotide sequence as well as uses of these sequences in vectors and host cells and for producing organic compounds.

Inventions 5-55: Claims 1-8 (in part)

sequences of Seq. Id. No. 3-104 as well as uses of these sequences in vectors and host cells and for producing organic compounds, the nucleotide sequence and the derived amino acid sequence in each case belonging to the same group.

Please note that all the inventions specified under point 1, though not necessarily linked by a common inventive concept, could be searched in full without entailing added effort that would have justified an additional search fee.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/EP 02/12138

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
EP 1108790	A	20-06-2001	EP 1108790 A2	20-06-2001
			JP 2002191370 A	09-07-2002
			US 2002197605 A1	26-12-2002

DE 19929365	A	28-12-2000	DE 19929365 A1	28-12-2000
			AU 6428900 A	31-01-2001
			WO 0100802 A2	04-01-2001

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 02/12138

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 7 C07K14/34 C12P13/08 C12Q1/68 C12N15/63 C12N15/77
C12N1/21 C12P1/04 //C12R1/15

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 7 C07K C12N C12P C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

EPO-Internal, WPI Data, PAJ, EMBL, BIOSIS, EMBASE, MEDLINE

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EP 1 108 790 A (KYOWA HAKKO KOGYO KK) 20. Juni 2001 (2001-06-20) Seq. ID No. 5415 und 1915; Nur die wichtigsten Abschnitte der Anmeldung wurden als Kopie beigelegt. Seite 136; Ansprüche 9,12,13,15,51-54,63,64; Abbildung 4 ---	1-8
P,X	DATABASE EMBL 'Online! Genomische Sequenz v. Corynebacterium glutamicum, 5. Juni 2002 (2002-06-05) retrieved from EMBL Database accession no. AP005279 XP002238867 Nur der Anfang des Datenbankeintrags wurde als Kopie beigelegt. --- -/--	1-8



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benützung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

29. April 2003

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

20.06.03

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Griesinger, I

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 02/12138

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	BATHE B ET AL: "A PHYSICAL AND GENETIC MAP OF THE CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM ATCC 13032 CHROMOSOME" MOLECULAR AND GENERAL GENETICS, SPRINGER VERLAG, BERLIN,, DE, Bd. 252, Nr. 3, 1996, Seiten 255-265, XP000942283 ISSN: 0026-8925 Zusammenfassung; Abbildung 4; Tabelle 3 -----	1-8
A	DE 199 29 365 A (BASF LYNX BIOSCIENCE AG) 28. Dezember 2000 (2000-12-28) Zusammenfassung; Ansprüche 1-4 -----	1-8

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/EP 02/12138

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich _____
2. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich _____
3. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr. _____
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
1-8 (jeweils zum Teil)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere (Gruppen von) Erfindungen enthält, nämlich:

Erfindungen 1-4: Ansprüche 1-8 (jeweils zum Teil)

Aminosäuresequenz mit der Seq. ID No. 2 bzw. die entsprechende Nukleotidsequenz mit der Seq. ID No. 1, sowie Varianten dieser Sequenzen und die Verwendungen dieser Sequenzen in Vektoren, Wirtszellen und zur Herstellung von organischen Verbindungen.

1.1. Ansprüche: 1-8 (jeweils zum Teil)

Aminosäuresequenz mit der Seq. ID No. 2 und die entsprechende Nukleotidsequenz, sowie Verwendungen dieser Sequenzen in Vektoren, Wirtszellen und zur Herstellung von organischen Verbindungen.

1.2. Ansprüche: 1-8 (jeweils zum Teil)

Aminosäuresequenz mit der Seq. ID No. 2, wobei an der Position 337 Serin statt Prolin vorliegt, und die entsprechende Nukleotidsequenz, sowie Verwendungen dieser Sequenzen in Vektoren, Wirtszellen und zur Herstellung von organischen Verbindungen.

1.3. Ansprüche: 1-8 (jeweils zum Teil)

Aminosäuresequenz mit der Seq. ID No. 2, wobei an der Position 405 Isoleucin statt Threonin vorliegt, und die entsprechende Nukleotidsequenz, sowie Verwendungen dieser Sequenzen in Vektoren, Wirtszellen und zur Herstellung von organischen Verbindungen.

1.4. Ansprüche: 1-8 (jeweils zum Teil)

Aminosäuresequenz mit der Seq. ID No. 2, wobei an der Position 504 Serin statt Prolin vorliegt, und die entsprechende Nukleotidsequenz, sowie Verwendungen dieser Sequenzen in Vektoren, Wirtszellen und zur Herstellung von organischen Verbindungen.

Erfindungen 5-55: Ansprüche 1-8 (jeweils zum Teil)

Sequenzen mit der Seq. ID No. 3-104, sowie Verwendungen dieser Sequenzen in Vektoren, Wirtszellen und zur Herstellung von organischen Verbindungen, wobei jeweils die Nukleotidsequenz und die abgeleitete Aminosäuresequenz zur gleichen Gruppe gehören.

Bitte zu beachten daß für alle unter Punkt 1 aufgeführten Erfindungen, obwohl diese nicht unbedingt durch ein gemeinsames erfinderisches

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Konzept verbunden sind, ohne Mehraufwand der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, eine vollständige Recherche durchgeführt werden konnte.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 02/12138

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 1108790 A	20-06-2001	EP 1108790 A2	20-06-2001
		JP 2002191370 A	09-07-2002
		US 2002197605 A1	26-12-2002
DE 19929365 A	28-12-2000	DE 19929365 A1	28-12-2000
		AU 6428900 A	31-01-2001
		WO 0100802 A2	04-01-2001